```
OM of: US-09-026-459A-31 to: GenEmbl:*   out_format : pfs

Date: Feb 13, 2000  8:07 PM

About: Results were produced by the GenCore software, version 4.5,
       Copyright (c) 1993-1998 Compugen Ltd.

Command line parameters:
 -MODEL=frame+_p2n.model -DEV=xlp
 -Q=/cgn2_1/USPTO_spool/US09026459/runat_12022000_171247_15926/app_query.fasta.1
 -DB=GenEmbl -QFMT=fastap -SUFFIX=oligo.rge -GAPOP=4.500
 -GAPEXT=0.050 -MINMATCH=0.100 -LOOPCL=0.000 -LOOPEXT=0.000
 -QGAPOP=4.500 -QGAPEXT=0.050 -XGAPOP=60.000 -XGAPEXT=60.000
 -FGAPOP=6.000 -FGAPEXT=7.000 -YGAPOP=60.000 -YGAPEXT=60.000
 -DELOP=6.000 -DELEXT=7.000 -START=1 -MATRIX=oligo
 -TRA[redacted]uman40.cdi -LIST=45 -DOCALIGN=200 -THR_SCORE=quality
 -THR[redacted]=1 -ALIGN=15 -MODE=LOCAL -OUTFMT=pfs -NORM=ext -MINLEN=0
 -MAXLEN=1000000 -USER=US09026459 -NCPU=6 -ICPU=3 -NO_XLPXY -WAIT
 -THREADS=1

Search information block:
Query: US-09-026-459A-31
Query length: 874
Database: GenEmbl:*
Database sequences: 821193
Database length: -1518192014
Search time (sec): 10867.920000

WARN: XGAPOP and YGAPOP must be equal. Assuming YGAPOP=XGAPOP=60.000
WARN: XGAPEXT and YGAPEXT must be equal. Assuming YGAPEXT=XGAPEXT=60.000


score_list:
Sequence              Strd Orig    ZScore    EScore Len  ! Documentation  ..
gb_pat:I05311          +   873.00 16560.87  0.0       4597  ! I05311 Sequence 1 from Patent
gb_pat:I81465          +   873.00 16563.92  0.0       2994  ! I81465 Sequence 2 from patent
gb_pr2:HUMRB1MRNA      +   873.00 16560.50  0.0       4839  ! L41870 Homo sapiens retinobla
gb_pr2:HUMRBA1RA       +   873.00 16560.86  0.0       4600  ! M33647 Human retinoblastoma a
gb_pr2:HUMRBSA         +   873.00 16563.92  0.0       2994  ! M28419 Human retinoblastoma s
gb_pat:I09369          +   822.00 15590.79  0.0       4597  ! I09369 Sequence 1 from Patent
gb_pat:I18496          +   820.00 15555.25  0.0       3232  ! I18496 Sequence 1 from patent
gb_pat:I18497          -   820.00 15555.25  0.0       3232  ! I18497 Sequence 2 from patent
gb_pr2:HUMRBS          +   602.00 11405.92  0.0       4740  ! M15400 Human retinoblastoma s
gb_p[redacted]01444    +   286.00  5395.48  1.7e-292  4580  ! A01444 H.sapiens DNA for 4.6 k
gb_p[redacted]F043224  +   112.00  2102.69  4.2e-109  426   ! AF043224 Homo sapiens retinobla
gb_pat:E12560          +    72.00  1324.93  8.9e-66   4591  ! E12560 cDNA encoding Rb (retin
gb_ro:MUSPP105RB       +    72.00  1324.93  8.9e-66   4591  ! M26391 Mouse retinoblastoma su
gb_prl:HUMRBSY79       +    68.00  1264.91  2.0e-62   480   ! M19701 Human mutated retinoblas
gb_pr2:HUMRB1501V      +    66.00  1229.32  1.9e-60   340   ! L49220 Homo sapiens retinoblast
gb_pat:I09384          +    65.00  1205.24  4.1e-59   693   ! I09384 Sequence 17 from Patent
gb_prl:HUMRBS15        +    65.00  1205.24  4.1e-59   693   ! M27858 Human retinoblastoma sus
gb_prl:HUMRETBLAS      +    65.00  1165.67  6.6e-57   180388  ! L11910 Human retinoblastoma
gb_ro:RATRP            +    59.00  1077.91  5.1e-52   4432  ! D25233 Rat mRNA for retinoblas
gb_pat:I09389          +    55.00  1012.89  2.1e-48   935   ! I09389 Sequence 22 from Patent
gb_prl:HUMRBS20        +    55.00  1012.89  2.1e-48   935   ! M27863 Human retinoblastoma sus
gb_pr2:HUMRB23EX       +    55.00  1018.59  1.0e-48   420   ! L41910 Homo sapiens retinoblast
gb_pr2:HUMRB4MU2       +    55.00  1016.61  1.3e-48   555   ! L41904 Homo sapiens retinoblast
gb_pr2:HUMRB1777L      +    54.00  1003.20  7.4e-48   252   ! L49230 Homo sapiens retinoblast
gb_ro:RATRTNBLST       +    52.00   950.07  6.8e-45   2102  ! L07126 Rattus norvegicus retin
gb_pr2:HUMRB17MU2      +    51.00   940.52  2.3e-44   555   ! L41924 Homo sapiens retinoblast
gb_pat:I09387          +    49.00   900.66  3.8e-42   717   ! I09387 Sequence 20 from Patent
gb_prl:HUMRBS18        +    49.00   900.66  3.8e-42   717   ! L35147 Human retinoblastoma sus
gb_pr2:HUMRB1SDDL      +    49.00   908.93  1.3e-42   224   ! L49225 Homo sapiens retinoblast
gb_un:M27861           +    49.00   900.66  3.8e-42   717   ! M27861 Figure 2. Retinoblastoma
gb_pat:I09377          +    48.00   882.80  3.8e-41   609   ! I09377 Sequence 10 from Patent
gb_pat:I09386          +    48.00   882.33  4.0e-41   650   ! I09386 Sequence 19 from Patent
gb_prl:HUMRBS08        +    48.00   882.80  3.8e-41   609   ! L35146 Human retinoblastoma sus
gb_prl:HUMRBS17        +    48.00   882.33  4.0e-41   650   ! M27860 Human retinoblastoma sus
gb_pr2:HUMRB08EX       +    48.00   887.46  2.1e-41   316   ! L41896 Homo sapiens retinoblast
gb_prl:HUMRBS22        +    47.00   858.33  8.7e-40   1310  ! M27865 Human retinoblastoma su
gb_pr2:HUMRB25EX       +    47.00   863.59  4.4e-40   625   ! L41912 Homo sapiens retinoblast
gb_pr2:HUMRB1610K      +    43.00   794.81  3.0e-36   224   ! L49223 Homo sapiens retinoblast
gb_pr2:HUMRB17MUT      +    43.00   792.34  4.1e-36   317   ! L41999 Homo sapiens retinoblast
gb_pat:I09373          +    41.00   750.12  9.3e-34   570   ! I09373 Sequence 6 from Paten
gb_prl:HUMRBS04        +    41.00   750.12  9.3e-34   570   ! M27848 Human retinoblastoma
gb_pr2:HUMRB04MUT      +    41.00   751.90  7.4e-34   444   ! L41892 Homo sapiens retinobl
gb_pr2:HUMRB19MUT      +    41.00   751.30  8.0e-34   483   ! L41906 Homo sapiens retinobl
gb_pr2:HUMRB20MUU      +    41.00   753.59  5.9e-34   350   ! L41996 Homo sapiens retinobl
gb_pat:I09385          +    40.00   730.86  1.1e-32   589   ! I09385 Sequence 18 from Pate

seq_name: gb_pat:I05311

seq_documentation_block:
LOCUS       I05311       4597 bp                    PAT       02-DEC-1994
DEFINITION  Sequence 1 from Patent EP 0259031.
ACCESSION   I05311
VERSION     I05311.1  GI:591083
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4597)
  AUTHORS   Dryja,T.P. and Friend,S.
  TITLE     Human DNA in the diagnosis of retinoblastoma
  JOURNAL   Patent: EP 0259031-A2 1 09-MAR-1988;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .4597
                     /organism="unknown"
BASE COUNT     1489 a    842 c    812 g   1454 t
ORIGIN


alignment_scores:
            Quality:  873.00            Length:    873
              Ratio:  1.000               Gaps:      0
 Percent Similarity: 100.000   Percent Identity: 100.000

alignment_block:
 US-09-026-459A-31 x I05311   ..

 Align seg 1/1  to: I05311  from: 1  to: 4597

       2 AspPheThrAlaLeuCysGlnLysLeuLysIleProAspHisValArgGl 18
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     166 GATTTTACTGCATTATGTCAGAAATTAAAGATACCAGATCATGTCAGAGA 215

      18 uArgAlaTrpLeuThrTrpGluLysValSerSerValAspGlyValLeuG 35
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     216 GAGAGCTTGGTTAACTTGGGAGAAAGTTTCATCTGTGGATGGAGTATTGG 265

      35 lyGlyTyrIleGlnLysLysLysGluLeuTrpGlyIleCysIlePheIle 51
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     266 GAGGTTATATTCAAAAGAAAAAGGAACTGTGGGGAATCTGTATCTTTATT 315

      52 AlaAlaValAspLeuAspGluMetSerPheThrPheThrGluLeuGlnLy 68
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     316 GCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTCGTTCACTTTTACTGAGCTACAGAA 365

      68 sAsnIleGluIleSerValHisLysPhePheAsnLeuLeuLysGluIleA 85
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     366 AAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTTACTAAAAGAAATTG 415

      85 spThrSerThrLysValAspAsnAlaMetSerArgLeuLeuLysLysTyr 101
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     416 ATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTAT 465

     102 AspValLeuPheAlaLeuPheSerLysLeuGluArgThrCysGluLeuIl 118
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     466 GATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTAT 515

     118 eTyrLeuThrGlnProSerSerSerIleSerThrGluIleAsnSerAlaL 135
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     516 ATATTTGACACAACCCAGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCAT 565

     135 euValLeuLysValSerTrpIleThrPheLeuLeuAlaLysGlyGluVal 151
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
 566 TGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACATTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTA 615

 152 LeuGlnMetGluAspAspLeuValIleSerPheGlnLeuMetLeuCysVa 168
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 616 TTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAGTTAATGCTATGTGT 665

 168 lLeuAspTyrPheIleLysLeuSerProProMetLeuLeuLysGluProT 185
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 666 CCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAACCAT 715

 185 yrLysThrAlaValIleProIleAsnGlySerProArgThrProArgArg 201
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 716 ATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAGGCGA 765

 202 GlyGlnAsnArgSerAlaArgIleAlaLysGlnLeuGluAsnAspThrAr 218
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 766 GGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAG 815

 218 gIleIleGluValLeuCysLysGluHisGluCysAsnIleAspGluValL 235
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 816 AATTATTGAAGTTCTCTGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGA 865

 235 ysAsnValTyrPheLysAsnPheIleProPheMetAsnSerLeuGlyLeu 251
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 866 AAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATACCTTTTATGAATTCTCTTGGACTT 915

 252 ValThrSerAsnGlyLeuProGluValGluAsnLeuSerLysArgTyrGl 268
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 916 GTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAAAATCTTTCTAAACGATACGA 965

 268 uGluIleTyrLeuLysAsnLysAspLeuAspAlaArgLeuPheLeuAspH 285
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 966 AGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAGATTATTTTTGGATC 1015

 285 isAspLysThrLeuGlnThrAspSerIleAspSerPheGluThrGlnArg 301
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1016 ATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACAGAGA 1065

 302 ThrProArgLysSerAsnLeuAspGluGluValAsnValIleProProHi 318
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1066 ACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACA 1115

 318 sThrProValArgThrValMetAsnThrIleGlnGlnLeuMetMetIleL 335
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1116 CACTCCAGTTAGGACTGTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTT 1165

 335 euAsnSerAlaSerAspGlnProSerGluAsnLeuIleSerTyrPheAsn 351
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1166 TAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCAGAAAATCTGATTTCCTATTTTAAC 1215

 351 AsnCysThrValAsnProLysGluSerIleLeuLysArgValLysAspIl 368
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1216 AACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATACTGAAAAGAGTGAAGGATAT 1265

 368 eGlyTyrIlePheLysGluLysPheAlaLysAlaValGlyGlnGlyCysV 385
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1266 AGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGTGGGACAGGGTTGTG 1315

 385 alGluIleGlySerGlnArgTyrLysLeuGlyValArgLeuTyrTyrArg 401
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1316 TCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGA 1365

 402 ValMetGluSerMetLeuLysSerGluGluGluArgLeuSerIleGlnAs 418
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1366 GTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAA 1415

 418 nPheSerLysLeuLeuAsnAspAsnIlePheHisMetSerLeuLeuAlaC 435
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1416 TTTTAGCAAACTTCTGAATGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTGGCGT 1465

 435 ysAlaLeuGluValValMetAlaThrTyrSerArgSerThrSerGlnAsn 451
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1466 GCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACATATAGCAGAAGTACATCTCAGAAT 1515
```

```
 452 LeuAspSerGlyThrAspLeuSerPheProTrpIleLeuAsnValLeuAs 468
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1516 CTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCATGGATTCTGAATGTGCTTAA 1565

 468 nLeuLysAlaPheAspPheTyrLysValIleGluSerPheIleLysAlaG 485
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1566 TTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAGTTTTATCAAAGCAG 1615

 485 luGlyAsnLeuThrArgGluMetIleLysHisLeuGluArgCysGluHis 501
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1616 AAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGAACGATGTGAACAT 1665

 502 ArgIleMetGluSerLeuAlaTrpLeuSerAspSerProLeuPheAspLe 518
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1666 CGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCT 1715

 518 uIleLysGlnSerLysAspArgGluGlyProThrAspHisLeuGluSerA 535
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1716 TATTAAACAATCAAAGGACCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTG 1765

 535 laCysProLeuAsnLeuProLeuGlnAsnAsnHisThrAlaAlaAspMet 551
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1766 CTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAGAATAATCACACTGCAGCAGATATG 1815

 552 TyrLeuSerProValArgSerProLysLysLysGlySerThrThrArgVa 568
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1816 TATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAAAAAGGTTCAACTACGCGTGT 1865

 568 lAsnSerThrAlaAsnAlaGluThrGlnAlaThrSerAlaPheGlnThrG 585
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1866 AAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTCAGCCTTCCAGACCC 1915

 585 lnLysProLeuLysSerThrSerLeuSerLeuPheTyrLysLysValTyr 601
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1916 AGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGTGTAT 1965

 602 ArgLeuAlaTyrLeuArgLeuAsnThrLeuCysGluArgLeuLeuSerGl 618
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1966 CGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGA 2015

 618 uHisProGluLeuGluHisIleIleTrpThrLeuPheGlnHisThrLeuG 635
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2016 GCACCCAGAATTAGAACATATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGC 2065

 635 lnAsnGluTyrGluLeuMetArgAspArgHisLeuAspGlnIleMetMet 651
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2066 AGAATGAGTATGAACTCATGAGAGACAGGCATTTGGACCAAATTATGATG 2115

 652 CysSerMetTyrGlyIleCysLysValLysAsnIleAspLeuLysPheLy 668
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2116 TGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGTGAAGAATATAGACCTTAAATTCAA 2165

 668 sIleIleValThrAlaTyrLysAspLeuProHisAlaValGlnGluThrP 685
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2166 AATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGCTGTTCAGGAGACAT 2215

 685 heLysArgValLeuIleLysGluGluGluTyrAspSerIleIleValPhe 701
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2216 TCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGTATTC 2265

 702 TyrAsnSerValPheMetGlnArgLeuLysThrAsnIleLeuGlnTyrAl 718
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2266 TATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGC 2315

 718 aSerThrArgProProThrLeuSerProIleProHisIleProArgSerP 735
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2316 TTCCACCAGGCCCCCTACCTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCC 2365

 735 roTyrLysPheProSerSerProLeuArgIleProGlyGlyAsnIleTyr 751
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2366 CTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTACGGATTCCTGGAGGGAACATCTAT 2415
```

```
     752 IleSerProLeuLysSerProTyrLysIleSerGluGlyLeuProThrPr 768
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2416 ATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAAAATTTCAGAAGGTCTGCCAACACC 2465

     768 oThrLysMetThrProArgSerArgIleLeuValSerIleGlyGluSerP 785
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2466 AACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATCAATTGGTGAATCAT 2515

     785 heGlyThrSerGluLysPheGlnLysIleAsnGlnMetValCysAsnSer 801
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2516 TCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAACAGC 2565

     802 AspArgValLeuLysArgSerAlaGluGlySerAsnProProLysProLe 818
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2566 GACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACT 2615

     8[redacted]LysLysLeuArgPheAspIleGluGlySerAspGluAlaAspGlySerL 835
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2616 GAAAAAACTACGCTTTGATATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTA 2665

     835 ysHisLeuProGlyGluSerLysPheGlnGlnLysLeuAlaGluMetThr 851
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2666 AACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTTCAGCAGAAACTGGCAGAAATGACT 2715

     852 SerThrArgThrArgMetGlnLysGlnLysMetAsnAspSerMetAspTh 868
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2716 TCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCAGAAAATGAATGATAGCATGGATAC 2765

     868 rSerAsnLysGluGluLys 874
         ||||||||||||||||||
    2766 CTCAAACAAGGAAGAGAAA 2784

seq_name: gb_pat:I81465

seq_documentation_block:
LOCUS       I81465       2994 bp    DNA             PAT       10-JUN-1998
DEFINITION  Sequence 2 from patent US 5710255.
ACCESSION   I81465
VERSION     I81465.1  GI:3209762
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERE[redacted]  1  (bases 1 to 2994)
  AUT[redacted]  Shepard,H.Michael and Wen,S.Fen.
  TITLE     Characterization of a novel anti-p110.sup.RB monoclonal antibody
  JOURNAL   Patent: US 5710255-A 2 20-JAN-1998;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .2994
                     /organism="unknown"
BASE COUNT      974 a    618 c    593 g    809 t
ORIGIN


alignment_scores:
            Quality:  873.00             Length:    873
              Ratio:  1.000                Gaps:      0
 Percent Similarity: 100.000   Percent Identity: 100.000

alignment_block:
 US-09-026-459A-31 x I81465   ..

 Align seg 1/1  to: I81465  from: 1  to: 2994

       2 AspPheThrAlaLeuCysGlnLysLeuLysIleProAspHisValArgGl 18
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     304 GATTTTACTGCATTATGTCAGAAATTAAAGATACCAGATCATGTCAGAGA 353

      18 uArgAlaTrpLeuThrTrpGluLysValSerSerValAspGlyValLeuG 35
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     354 GAGAGCTTGGTTAACTTGGGAGAAAGTTTCATCTGTGGATGGAGTATTGG 403

      35 lyGlyTyrIleGlnLysLysLysGluLeuTrpGlyIleCysIlePheIle 51
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     404 GAGGTTATATTCAAAAGAAAAAGGAACTGTGGGGAATCTGTATCTTTATT 453

      52 AlaAlaValAspLeuAspGluMetSerPheThrPheThrGluLeuGlnLy 68
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     454 GCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTCGTTCACTTTTACTGAGCTACAGAA 503

      68 sAsnIleGluIleSerValHisLysPhePheAsnLeuLeuLysGluIleA 85
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     504 AAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTTACTAAAAGAAATTG 553

      85 spThrSerThrLysValAspAsnAlaMetSerArgLeuLeuLysLysTyr 101
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     554 ATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTAT 603

     102 AspValLeuPheAlaLeuPheSerLysLeuGluArgThrCysGluLeuIl 118
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     604 GATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTAT 653

     118 eTyrLeuThrGlnProSerSerSerIleSerThrGluIleAsnSerAlaL 135
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     654 ATATTTGACACAACCCAGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCAT 703

     135 euValLeuLysValSerTrpIleThrPheLeuLeuAlaLysGlyGluVal 151
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     704 TGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACATTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTA 753

     152 LeuGlnMetGluAspAspLeuValIleSerPheGlnLeuMetLeuCysVa 168
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     754 TTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAGTTAATGCTATGTGT 803

     168 lLeuAspTyrPheIleLysLeuSerProProMetLeuLeuLysGluProT 185
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     804 CCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAACCAT 853

     185 yrLysThrAlaValIleProIleAsnGlySerProArgThrProArgArg 201
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     854 ATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAGGCGA 903

     202 GlyGlnAsnArgSerAlaArgIleAlaLysGlnLeuGluAsnAspThrAr 218
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     904 GGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAG 953

     218 gIleIleGluValLeuCysLysGluHisGluCysAsnIleAspGluValL 235
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     954 AATTATTGAAGTTCTCTGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGA 1003

     235 ysAsnValTyrPheLysAsnPheIleProPheMetAsnSerLeuGlyLeu 251
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1004 AAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATACCTTTTATGAATTCTCTTGGACTT 1053

     252 ValThrSerAsnGlyLeuProGluValGluAsnLeuSerLysArgTyrGl 268
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1054 GTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAAAATCTTTCTAAACGATACGA 1103

     268 uGluIleTyrLeuLysAsnLysAspLeuAspAlaArgLeuPheLeuAspH 285
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1104 AGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAGATTATTTTTGGATC 1153

     285 isAspLysThrLeuGlnThrAspSerIleAspSerPheGluThrGlnArg 301
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1154 ATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACAGAGA 1203

     302 ThrProArgLysSerAsnLeuAspGluGluValAsnValIleProProHi 318
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1204 ACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACA 1253

     318 sThrProValArgThrValMetAsnThrIleGlnGlnLeuMetMetIleL 335
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1254 CACTCCAGTTAGGACTGTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTT 1303

     335 euAsnSerAlaSerAspGlnProSerGluAsnLeuIleSerTyrPheAsn 351
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
1304 TAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCAGAAAATCTGATTTCCTATTTTAAC 1353

 352 AsnCysThrValAsnProLysGluSerIleLeuLysArgValLysAspIl 368
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1354 AACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATACTGAAAAGAGTGAAGGATAT 1403

 368 eGlyTyrIlePheLysGluLysPheAlaLysAlaValGlyGlnGlyCysV 385
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1404 AGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGTGGGACAGGGTTGTG 1453

 385 alGluIleGlySerGlnArgTyrLysLeuGlyValArgLeuTyrTyrArg 401
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1454 TCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGA 1503

 402 ValMetGluSerMetLeuLysSerGluGluGluArgLeuSerIleGlnAs 418
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1504 GTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAA 1553

 418 nPheSerLysLeuLeuAsnAspAsnIlePheHisMetSerLeuLeuAlaC 435
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1554 TTTTAGCAAACTTCTGAATGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTGGCGT 1603

 [redacted]ysAlaLeuGluValValMetAlaThrTyrSerArgSerThrSerGlnAsn 451
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1604 GCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACATATAGCAGAAGTACATCTCAGAAT 1653

 452 LeuAspSerGlyThrAspLeuSerPheProTrpIleLeuAsnValLeuAs 468
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1654 CTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCATGGATTCTGAATGTGCTTAA 1703

 468 nLeuLysAlaPheAspPheTyrLysValIleGluSerPheIleLysAlaG 485
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1704 TTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAGTTTTATCAAAGCAG 1753

 485 luGlyAsnLeuThrArgGluMetIleLysHisLeuGluArgCysGluHis 501
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1754 AAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGAACGATGTGAACAT 1803

 502 ArgIleMetGluSerLeuAlaTrpLeuSerAspSerProLeuPheAspLe 518
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1804 CGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCT 1853

 518 uIleLysGlnSerLysAspArgGluGlyProThrAspHisLeuGluSerA 535
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1854 TATTAAACAATCAAAGGACCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTG 1903

 535 laCysProLeuAsnLeuProLeuGlnAsnAsnHisThrAlaAlaAspMet 551
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1904 CTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAGAATAATCACACTGCAGCAGATATG 1953

 [redacted]yrLeuSerProValArgSerProLysLysLysGlySerThrThrArgVa 568
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1954 TATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAAAAAGGTTCAACTACGCGTGT 2003

 568 lAsnSerThrAlaAsnAlaGluThrGlnAlaThrSerAlaPheGlnThrG 585
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2004 AAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTCAGCCTTCCAGACCC 2053

 585 lnLysProLeuLysSerThrSerLeuSerLeuPheTyrLysLysValTyr 601
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2054 AGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGTGTAT 2103

 602 ArgLeuAlaTyrLeuArgLeuAsnThrLeuCysGluArgLeuLeuSerGl 618
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2104 CGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGA 2153

 618 uHisProGluLeuGluHisIleIleTrpThrLeuPheGlnHisThrLeuG 635
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2154 GCACCCAGAATTAGAACATATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGC 2203

 635 lnAsnGluTyrGluLeuMetArgAspArgHisLeuAspGlnIleMetMet 651
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2204 AGAATGAGTATGAACTCATGAGAGACAGGCATTTGGACCAAATTATGATG 2253

 652 CysSerMetTyrGlyIleCysLysValLysAsnIleAspLeuLysPheLy 668
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2254 TGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGTGAAGAATATAGACCTTAAATTCAA 2303

 668 sIleIleValThrAlaTyrLysAspLeuProHisAlaValGlnGluThrP 685
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2304 AATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGCTGTTCAGGAGACAT 2353

 685 heLysArgValLeuIleLysGluGluGluTyrAspSerIleIleValPhe 701
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2354 TCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGTATTC 2403

 702 TyrAsnSerValPheMetGlnArgLeuLysThrAsnIleLeuGlnTyrAl 718
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2404 TATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGC 2453

 718 aSerThrArgProProThrLeuSerProIleProHisIleProArgSerP 735
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2454 TTCCACCAGGCCCCCTACCTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCC 2503

 735 roTyrLysPheProSerSerProLeuArgIleProGlyGlyAsnIleTyr 751
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2504 CTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTACGGATTCCTGGAGGGAACATCTAT 2553

 752 IleSerProLeuLysSerProTyrLysIleSerGluGlyLeuProThrPr 768
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2554 ATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAAAATTTCAGAAGGTCTGCCAACACC 2603

 768 oThrLysMetThrProArgSerArgIleLeuValSerIleGlyGluSerP 785
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2604 AACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATCAATTGGTGAATCAT 2653

 785 heGlyThrSerGluLysPheGlnLysIleAsnGlnMetValCysAsnSer 801
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2654 TCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAACAGC 2703

 802 AspArgValLeuLysArgSerAlaGluGlySerAsnProProLysProLe 818
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2704 GACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACT 2753

 818 uLysLysLeuArgPheAspIleGluGlySerAspGluAlaAspGlySerL 835
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2754 GAAAAAACTACGCTTTGATATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTA 2803

 835 ysHisLeuProGlyGluSerLysPheGlnGlnLysLeuAlaGluMetThr 851
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2804 AACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTTCAGCAGAAACTGGCAGAAATGACT 2853

 852 SerThrArgThrArgMetGlnLysGlnLysMetAsnAspSerMetAspTh 868
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2854 TCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCAGAAAATGAATGATAGCATGGATAC 2903

 868 rSerAsnLysGluGluLys 874
     ||||||||||||||||||
2904 CTCAAACAAGGAAGAGAAA 2922

seq_name: gb_pr2:HUMRB1MRNA

seq_documentation_block:
LOCUS       HUMRB1MRNA   4839 bp    mRNA            PRI       05-MAY-1995
DEFINITION  Homo sapiens retinoblastoma susceptibility protein (RB1) mRNA and
            mutations.
ACCESSION   L41870
VERSION     L41870.1  GI:793994
KEYWORDS    retinoblastoma protein; retinoblastoma susceptibility.
SOURCE      Homo sapiens cDNA to mRNA.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Mammalia;
            Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (sites)
  AUTHORS   McGee,T.L., Yandell,D.W. and Dryja,T.P.
  TITLE     Structure and partial genomic sequence of the human retinoblastoma
```

GenCore version 4.5

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: February 13, 2000, 11:26:07 ; Search time 14294.3 Seconds
(without alignments)
-530.197 Million cell updates/sec

Title: US-09-026-459A-34_COPY_7_2502
Perfect score: 2496
Sequence: 1 ATGCTGTGGGGAATCTGTAT.....CCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2496

Scoring table: OLIGO_NUC

Sea[redacted]: 821193 seqs, -1518192014 residues

Database : GenEmbl:*

Word size : 0

Number of hits that pass the threshold : 1642386

1: gb_ba1:*
2: gb_ba2:*
3: gb_om:*
4: gb_ov:*
5: gb_pat:*
6: gb_ph:*
7: gb_pl1:*
8: gb_pl2:*
9: gb_prl:*
10: gb_pr2:*
11: gb_pr3:*
12: gb_ro:*
13: gb_sts:*
14: gb_sy:*
15: gb_un:*
16: gb_vi:*
17: em_fun:*
18: em_hum1:*
19: em_hum2:*
20: em_in:*
21: em_om:*
22: em_or:*
23: em_ov:*
24: em_pat:*
25: em_ph:*
26: em_pl:*
27: em_ro:*
28: em_sts:*
29: em_sy:*
30: em_un:*
31: em_vi:*
32: gb_htg1:*
33: gb_htg2:*
34: gb_in1:*
35: gb_in2:*
36: em_ba1:*
37: em_ba2:*
38: em_hum3:*
39: em_hum4:*
40: gb_pr4:*
41: gb_htg3:*
42: gb_htg4:*
43: gb_htg5:*
44: gb_htg6:*
45: gb_htg7:*
46: em_htg1:*
47: em_htg2:*
48: em_htg3:*
49: em_hum5:*
50: gb_pl3:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
1	2493	99.9	4597	5	I05311	I05311 Sequence 1
2	2493	99.9	2994	5	I81465	I81465 Sequence 2
3	2493	99.9	4839	10	HUMRB1MRNA	L41870 Homo sapien
4	2493	99.9	4600	10	HUMRBA1RA	M33647 Human retin
5	2493	99.9	2994	10	HUMRBSA	M28419 Human retin
6	2460	98.6	3232	5	I18496	I18496 Sequence 1
c 7	2460	98.6	3232	5	I18497	I18497 Sequence 2
8	2442	97.8	4597	5	I09369	I09369 Sequence 1
9	2208	88.5	4740	10	HUMRBS	M15400 Human retin
10	1420	56.9	4580	5	A01444	A01444 H.sapiens D
11	310	12.4	426	11	AF043224	AF043224 Homo sapi
12	207	8.3	480	9	HUMRBSY79	M19701 Human mutat
13	198	7.9	693	5	I09384	I09384 Sequence 17
14	198	7.9	693	9	HUMRBS15	M27858 Human retin
15	198	7.9	180388	9	HUMRETBLAS	L11910 Human retin
16	196	7.9	340	10	HUMRB1501V	L49220 Homo sapien
17	167	6.7	555	10	HUMRB4MU2	L41904 Homo sapien
18	165	6.6	935	5	I09389	I09389 Sequence 22
19	165	6.6	935	9	HUMRBS20	M27863 Human retin
20	165	6.6	420	10	HUMRB23EX	L41910 Homo sapien
21	163	6.5	252	10	HUMRB1777L	L49230 Homo sapien
22	155	6.2	555	10	HUMRB17MU2	L41924 Homo sapien
23	148	5.9	717	5	I09387	I09387 Sequence 20
24	148	5.9	717	9	HUMRBS18	L35147 Human retin
25	148	5.9	717	15	M27861	M27861 Figure 2. R
26	147	5.9	224	10	HUMRB1SDDL	L49225 Homo sapien
27	146	5.8	650	5	I09386	I09386 Sequence 19
28	146	5.8	650	9	HUMRBS17	M27860 Human retin
29	145	5.8	609	5	I09377	I09377 Sequence 10
30	145	5.8	609	9	HUMRBS08	L35146 Human retin
31	145	5.8	316	10	HUMRB08EX	L41896 Homo sapien
32	144	5.8	1310	9	HUMRBS22	M27865 Human retin
33	144	5.8	625	10	HUMRB25EX	L41912 Homo sapien
34	132	5.3	224	10	HUMRB1610K	L49223 Homo sapien
35	131	5.2	317	10	HUMRB17MUT	L41999 Homo sapien
36	125	5.0	350	10	HUMRB20MUU	L41996 Homo sapien
37	124	5.0	444	10	HUMRB04MUT	L41892 Homo sapien
38	124	5.0	483	10	HUMRB19MUT	L41906 Homo sapien
39	123	4.9	570	5	I09373	I09373 Sequence 6
40	123	4.9	570	9	HUMRBS04	M27848 Human retin
41	122	4.9	589	5	I09385	I09385 Sequence 18
42	122	4.9	589	9	HUMRBS16	M27859 Human retin
43	122	4.9	224	10	HUMRB1646F	L49224 Homo sapien
44	122	4.9	222	10	HUMRB18EX	L41905 Homo sapien
45	119	4.8	323	10	HUMRB1D18	L49221 Homo sapien

ALIGNMENTS

RESULT 1
I05311
LOCUS I05311 4597 bp PAT 02-DEC-1994
DEFINITION Sequence 1 from Patent EP 0259031.
ACCESSION I05311
VERSION I05311.1 GI:591083
KEYWORDS .
SOURCE Unknown.
ORGANISM Unknown.
Unclassified.
REFERENCE 1 (bases 1 to 4597)
AUTHORS Dryja,T.P. and Friend,S.

```
  TITLE     Human DNA in the diagnosis of retinoblastoma
  JOURNAL   Patent: EP 0259031-A2 1 09-MAR-1988;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .4597
                     /organism="unknown"
BASE COUNT     1489 a    842 c    812 g   1454 t
ORIGIN

  Query Match             99.9%;  Score 2493;  DB 5;  Length 4597;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 2493;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       4 CTGTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTCGTTCACTTTT 63
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     292 CTGTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTCGTTCACTTTT 351

Qy      64 ACTGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTTACTAAAAGAA 123
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     352 ACTGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTTACTAAAAGAA 411

Qy     124 ATTGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTA 183
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     412 ATTGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTA 471

Qy     184 TTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCC 243
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     472 TTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCC 531

Qy     244 AGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACA 303
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     532 AGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACA 591

Qy     304 TTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAG 363
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     592 TTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAG 651

Qy     364 TTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAA 423
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     652 TTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAA 711

Qy     424 CCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAG 483
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     712 CCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAG 771

Qy     484 AACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTC 543
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     772 AACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTC 831

Qy      44 TGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATA 603
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     832 TGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATA 891

Qy     604 CCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAAAATCTT 663
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     892 CCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAAAATCTT 951

Qy     664 TCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAGATTATTTTTG 723
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     952 TCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAGATTATTTTTG 1011

Qy     724 GATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCA 783
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1012 GATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCA 1071

Qy     784 CGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACT 843
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1072 CGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACT 1131

Qy     844 GTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCA 903
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1132 GTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCA 1191

Qy     904 GAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATACTGAAA 963
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1192 GAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATACTGAAA 1251

Qy     964 AGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGTGGGACAGGGT 1023
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1252 AGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGTGGGACAGGGT 1311

Qy    1024 TGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGAGTAATG 1083
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1312 TGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGAGTAATG 1371

Qy    1084 GAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTG 1143
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1372 GAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTG 1431

Qy    1144 AATGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACA 1203
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1432 AATGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACA 1491

Qy    1204 TATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCATGGATT 1263
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1492 TATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCATGGATT 1551

Qy    1264 CTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAGTTTTATCAAA 1323
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1552 CTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAGTTTTATCAAA 1611

Qy    1324 GCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGAACGATGTGAACATCGAATC 1383
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1612 GCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGAACGATGTGAACATCGAATC 1671

Qy    1384 ATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAG 1443
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1672 ATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAG 1731

Qy    1444 GACCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAG 1503
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1732 GACCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAG 1791

Qy    1504 AATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAAAAAGGT 1563
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1792 AATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAAAAAGGT 1851

Qy    1564 TCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTCAGCCTTCCAG 1623
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1852 TCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTCAGCCTTCCAG 1911

Qy    1624 ACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGTGTATCGGCTA 1683
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1912 ACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGTGTATCGGCTA 1971

Qy    1684 GCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAA 1743
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1972 GCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAA 2031

Qy    1744 CATATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCATGAGAGAC 1803
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2032 CATATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCATGAGAGAC 2091

Qy    1804 AGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGTGAAGAATATA 1863
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2092 AGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGTGAAGAATATA 2151

Qy    1864 GACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGCTGTTCAGGAG 1923
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2152 GACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGCTGTTCAGGAG 2211

Qy    1924 ACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGTATTCTATAAC 1983
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2212 ACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGTATTCTATAAC 2271

Qy    1984 TCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCT 2043
```

```
Db   2272 TCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCT 2331

Qy   2044 ACCTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTA 2103
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2332 ACCTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTA 2391

Qy   2104 CGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAAAATTTCAGAA 2163
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2392 CGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAAAATTTCAGAA 2451

Qy   2164 GGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATCAATTGGTGAA 2223
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2452 GGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATCAATTGGTGAA 2511

Qy   2224 TCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAACAGCGACCGT 2283
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2512 TCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAACAGCGACCGT 2571

Qy   2284 GTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTT 2343
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2572 GTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTT 2631

Qy   2344 GATATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTT 2403
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2632 GATATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTT 2691

Qy   2404 CAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCAGAAAATGAAT 2463
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2692 CAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCAGAAAATGAAT 2751

Qy   2464 GATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2496
          ||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2752 GATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2784


RESULT   2
I81465
LOCUS       I81465       2994 bp    DNA             PAT       10-JUN-1998
DEFINITION  Sequence 2 from patent US 5710255.
ACCESSION   I81465
VERSION     I81465.1  GI:3209762
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 2994)
  AUTHORS   Shepard,H.Michael and Wen,S.Fen.
  TITLE     Characterization of a novel anti-p110.sup.RB monoclonal antibody
  JOURNAL   Patent: US 5710255-A 2 20-JAN-1998;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .2994
                     /organism="unknown"
BASE COUNT      974 a    618 c    593 g    809 t
ORIGIN


  Query Match             99.9%;  Score 2493;  DB 5;  Length 2994;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 2493;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      4 CTGTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTCGTTCACTTTT 63
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    430 CTGTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTCGTTCACTTTT 489

Qy     64 ACTGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTTACTAAAAGAA 123
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    490 ACTGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTTACTAAAAGAA 549

Qy    124 ATTGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTA 183
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    550 ATTGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTA 609

Qy    184 TTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCC 243
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    610 TTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCC 669

Qy    244 AGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACA 303
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    670 AGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACA 729

Qy    304 TTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAG 363
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    730 TTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAG 789

Qy    364 TTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAA 423
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    790 TTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAA 849

Qy    424 CCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAG 483
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    850 CCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAG 909

Qy    484 AACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTC 543
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    910 AACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTC 969

Qy    544 TGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATA 603
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    970 TGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATA 1029

Qy    604 CCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAAAATCTT 663
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1030 CCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAAAATCTT 1089

Qy    664 TCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAGATTATTTTTG 723
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1090 TCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAGATTATTTTTG 1149

Qy    724 GATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCA 783
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1150 GATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCA 1209

Qy    784 CGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACT 843
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1210 CGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACT 1269

Qy    844 GTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCA 903
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1270 GTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCA 1329

Qy    904 GAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATACTGAAA 963
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1330 GAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATACTGAAA 1389

Qy    964 AGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGTGGGACAGGGT 1023
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1390 AGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGTGGGACAGGGT 1449

Qy   1024 TGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGAGTAATG 1083
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1450 TGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGAGTAATG 1509

Qy   1084 GAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTG 1143
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1510 GAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTG 1569

Qy   1144 AATGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACA 1203
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1570 AATGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACA 1629

Qy   1204 TATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCATGGATT 1263
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1630 TATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCATGGATT 1689

Qy   1264 CTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAGTTTTATCAAA 1323
```

```
Db    1690 CTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAGTTTTATCAAA 1749

Qy    1324 GCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGAACGATGTGAACATCGAATC 1383

Db    1750 GCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGAACGATGTGAACATCGAATC 1809

Qy    1384 ATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAG 1443

Db    1810 ATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAG 1869

Qy    1444 GACCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAG 1503

Db    1870 GACCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAG 1929

Qy    1504 AATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAAAAAGGT 1563

Db    1930 AATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAAAAAGGT 1989

Qy    [redacted]64 TCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTCAGCCTTCCAG 1623

Db    [redacted]90 TCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTCAGCCTTCCAG 2049

Qy    1624 ACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGTGTATCGGCTA 1683

Db    2050 ACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGTGTATCGGCTA 2109

Qy    1684 GCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAA 1743

Db    2110 GCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAA 2169

Qy    1744 CATATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCATGAGAGAC 1803

Db    2170 CATATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCATGAGAGAC 2229

Qy    1804 AGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGTGAAGAATATA 1863

Db    2230 AGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGTGAAGAATATA 2289

Qy    1864 GACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGCTGTTCAGGAG 1923

Db    2290 GACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGCTGTTCAGGAG 2349

Qy    1924 ACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGTATTCTATAAC 1983

Db    2350 ACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGTATTCTATAAC 2409

Qy    [redacted]84 TCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCT 2043

Db    [redacted]10 TCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCT 2469

Qy    2044 ACCTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTA 2103

Db    2470 ACCTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTA 2529

Qy    2104 CGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAAAATTTCAGAA 2163

Db    2530 CGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAAAATTTCAGAA 2589

Qy    2164 GGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATCAATTGGTGAA 2223

Db    2590 GGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATCAATTGGTGAA 2649

Qy    2224 TCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAACAGCGACCGT 2283

Db    2650 TCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAACAGCGACCGT 2709

Qy    2284 GTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTT 2343

Db    2710 GTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTT 2769

Qy    2344 GATATGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTT 2403

Db    2770 GATATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTT 2829

Qy    2404 CAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCAGAAAATGAAT 2463

Db    2830 CAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCAGAAAATGAAT 2889

Qy    2464 GATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2496

Db    2890 GATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2922
```

RESULT 3
HUMRB1MRNA

```
LOCUS       HUMRB1MRNA    4839 bp    mRNA            PRI       05-MAY-1995
DEFINITION  Homo sapiens retinoblastoma susceptibility protein (RB1) mRNA and
            mutations.
ACCESSION   L41870
VERSION     L41870.1  GI:793994
KEYWORDS    retinoblastoma protein; retinoblastoma susceptibility.
SOURCE      Homo sapiens cDNA to mRNA.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Mammalia;
            Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (sites)
  AUTHORS   McGee,T.L., Yandell,D.W. and Dryja,T.P.
  TITLE     Structure and partial genomic sequence of the human retinoblastoma
            susceptibility gene
  JOURNAL   Gene 80 (1), 119-128 (1989)
  MEDLINE   90006771
REFERENCE   2  (sites)
  AUTHORS   Hogg,A., Onadim,Z., Baird,P.N. and Cowell,J.K.
  TITLE     Detection of heterozygous mutations in the RB1 gene in
            retinoblastoma patients using single-strand conformation
            polymorphism analysis and polymerase chain reaction sequencing
  JOURNAL   Oncogene 7 (7), 1445-1451 (1992)
  MEDLINE   92319557
REFERENCE   3  (sites)
  AUTHORS   Onadim,Z., Hogg,A., Baird,P.N. and Cowell,J.K.
  TITLE     Oncogenic point mutations in exon 20 of the RB1 gene in families
            showing incomplete penetrance and mild expression of the
            retinoblastoma phenotype
  JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 89 (13), 6177-6181 (1992)
  MEDLINE   92335261
REFERENCE   4  (sites)
  AUTHORS   Onadim,Z., Hogg,A. and Cowell,J.K.
  TITLE     Mechanisms of oncogenesis in patients with familial retinoblastoma
  JOURNAL   Br. J. Cancer 68 (5), 958-964 (1993)
  MEDLINE   94031584
REFERENCE   5  (sites)
  AUTHORS   Hogg,A., Bia,B., Onadim,Z. and Cowell,J.K.
  TITLE     Molecular mechanisms of oncogenic mutations in tumors from patients
            with bilateral and unilateral retinoblastoma
  JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 90 (15), 7351-7355 (1993)
  MEDLINE   93348271
REFERENCE   6  (sites)
  AUTHORS   Kratzke,R.A., Otterson,G.A., Hogg,A., Coxon,A.B., Geradts,J.,
            Cowell,J.K. and Kaye,F.J.
  TITLE     Partial inactivation of the RB product in a family with incomplete
            penetrance of familial retinoblastoma and benign retinal tumors
  JOURNAL   Oncogene 9 (5), 1321-1326 (1994)
  MEDLINE   94203660
COMMENT     Mutation data provided by Dr. B.L.Gallie,
            Hospital for Sick Children
            555 Univ. Ave.
            Toronto ONT W5G 1X8
            Canada
            Ph:  416 813-5868
            FAX: 416 813-4989
            E-mail: brenda@hafiz.eric.on.ca.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .4839
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
```

GenCore version 4.5

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: February 13, 2000, 11:20:43 ; Search time 14294.3 Seconds
(without alignments)
-542.305 Million cell updates/sec

Title: US-09-026-459A-32_COPY_7_2559
Perfect score: 2553
Sequence: 1 ATGGAGAAAGTTTCATCTGT.....CCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2553

Scoring table: OLIGO_NUC

Searched: 821193 seqs, -1518192014 residues

Database : GenEmbl:*

Word size : 0

Number of hits that pass the threshold : 1642386

1: gb_ba1:*
2: gb_ba2:*
3: gb_om:*
4: gb_ov:*
5: gb_pat:*
6: gb_ph:*
7: gb_pl1:*
8: gb_pl2:*
9: gb_prl:*
10: gb_pr2:*
11: gb_pr3:*
12: gb_ro:*
13: gb_sts:*
14: gb_sy:*
15: gb_un:*
16: gb_vi:*
17: em_fun:*
18: em_hum1:*
19: em_hum2:*
20: em_in:*
21: em_om:*
22: em_or:*
23: em_ov:*
24: em_pat:*
25: em_ph:*
26: em_pl:*
27: em_ro:*
28: em_sts:*
29: em_sy:*
30: em_un:*
31: em_vi:*
32: gb_htg1:*
33: gb_htg2:*
34: gb_in1:*
35: gb_in2:*
36: em_ba1:*
37: em_ba2:*
38: em_hum3:*
39: em_hum4:*
40: gb_pr4:*
41: gb_htg3:*
42: gb_htg4:*
43: gb_htg5:*
44: gb_htg6:*
45: gb_htg7:*
46: em_htg1:*
47: em_htg2:*
48: em_htg3:*
49: em_hum5:*
50: gb_pl3:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
1	2551	99.9	4597	5	I05311	I05311 Sequence 1
2	2551	99.9	2994	5	I81465	I81465 Sequence 2
3	2551	99.9	4839	10	HUMRB1MRNA	L41870 Homo sapien
4	2551	99.9	4600	10	HUMRBA1RA	M33647 Human retin
5	2551	99.9	2994	10	HUMRBSA	M28419 Human retin
6	2500	97.9	4597	5	I09369	I09369 Sequence 1
7	2460	96.4	3232	5	I18496	I18496 Sequence 1
c 8	2460	96.4	3232	5	I18497	I18497 Sequence 2
9	2208	86.5	4740	10	HUMRBS	M15400 Human retin
10	1420	55.6	4580	5	A01444	A01444 H.sapiens D
11	338	13.2	426	11	AF043224	AF043224 Homo sapi
12	207	8.1	480	9	HUMRBSY79	M19701 Human mutat
13	198	7.8	693	5	I09384	I09384 Sequence 17
14	198	7.8	693	9	HUMRBS15	M27858 Human retin
15	198	7.8	180388	9	HUMRETBLAS	L11910 Human retin
16	196	7.7	340	10	HUMRB1501V	L49220 Homo sapien
17	167	6.5	555	10	HUMRB4MU2	L41904 Homo sapien
18	165	6.5	935	5	I09389	I09389 Sequence 22
19	165	6.5	935	9	HUMRBS20	M27863 Human retin
20	165	6.5	420	10	HUMRB23EX	L41910 Homo sapien
21	163	6.4	252	10	HUMRB1777L	L49230 Homo sapien
22	155	6.1	555	10	HUMRB17MU2	L41924 Homo sapien
23	148	5.8	717	5	I09387	I09387 Sequence 20
24	148	5.8	717	9	HUMRBS18	L35147 Human retin
25	148	5.8	717	15	M27861	M27861 Figure 2. R
26	147	5.8	224	10	HUMRB1SDDL	L49225 Homo sapien
27	146	5.7	650	5	I09386	I09386 Sequence 19
28	146	5.7	650	9	HUMRBS17	M27860 Human retin
29	145	5.7	609	5	I09377	I09377 Sequence 10
30	145	5.7	609	9	HUMRBS08	L35146 Human retin
31	145	5.7	316	10	HUMRB08EX	L41896 Homo sapien
32	144	5.6	1310	9	HUMRBS22	M27865 Human retin
33	144	5.6	625	10	HUMRB25EX	L41912 Homo sapien
34	132	5.2	224	10	HUMRB1610K	L49223 Homo sapien
35	131	5.1	317	10	HUMRB17MUT	L41999 Homo sapien
36	125	4.9	350	10	HUMRB20MUU	L41996 Homo sapien
37	124	4.9	444	10	HUMRB04MUT	L41892 Homo sapien
38	124	4.9	483	10	HUMRB19MUT	L41906 Homo sapien
39	123	4.8	570	5	I09373	I09373 Sequence 6
40	123	4.8	570	9	HUMRBS04	M27848 Human retin
41	122	4.8	589	5	I09385	I09385 Sequence 18
42	122	4.8	589	9	HUMRBS16	M27859 Human retin
43	122	4.8	224	10	HUMRB1646F	L49224 Homo sapien
44	122	4.8	222	10	HUMRB18EX	L41905 Homo sapien
45	119	4.7	323	10	HUMRB1D18	L49221 Homo sapien

ALIGNMENTS

RESULT 1
I05311
LOCUS I05311 4597 bp PAT 02-DEC-1994
DEFINITION Sequence 1 from Patent EP 0259031.
ACCESSION I05311
VERSION I05311.1 GI:591083
KEYWORDS .
SOURCE Unknown.
ORGANISM Unknown.
Unclassified.
REFERENCE 1 (bases 1 to 4597)
AUTHORS Dryja,T.P. and Friend,S.

```
  TITLE     Human DNA in the diagnosis of retinoblastoma
  JOURNAL   Patent: EP 0259031-A2 1 09-MAR-1988;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .4597
                     /organism="unknown"
BASE COUNT     1489 a    842 c    812 g   1454 t
ORIGIN

  Query Match             99.9%;  Score 2551;  DB 5;  Length 4597;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 2551;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      3 GGAGAAAGTTTCATCTGTGGATGGAGTATTGGGAGGTTATATTCAAAAGAAAAAGGAACT 62
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    234 GGAGAAAGTTTCATCTGTGGATGGAGTATTGGGAGGTTATATTCAAAAGAAAAAGGAACT 293

Qy     63 GTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTCGTTCACTTTTAC 122
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    294 GTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTCGTTCACTTTTAC 353

Qy    123 TGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTTACTAAAAGAAAT 182
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    354 TGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTTACTAAAAGAAAT 413

Qy    183 TGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATT 242
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    414 TGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATT 473

Qy    243 GTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAG 302
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    474 GTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAG 533

Qy    303 CAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACATT 362
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    534 CAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACATT 593

Qy    363 TTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAGTT 422
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    594 TTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAGTT 653

Qy    423 AATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAACC 482
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    654 AATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAACC 713

Qy    483 ATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAA 542
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    714 ATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAA 773

Qy    543 CAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTG 602
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    774 CAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTG 833

Qy    603 TAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATACC 662
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    834 TAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATACC 893

Qy    663 TTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAAAATCTTTC 722
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    894 TTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAAAATCTTTC 953

Qy    723 TAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAGATTATTTTTGGA 782
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    954 TAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAGATTATTTTTGGA 1013

Qy    783 TCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCACG 842
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1014 TCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCACG 1073

Qy    843 AAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACTGT 902
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1074 AAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACTGT 1133

Qy    903 TATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCAGA 962
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1134 TATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCAGA 1193

Qy    963 AAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATACTGAAAAG 1022
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1194 AAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATACTGAAAAG 1253

Qy   1023 AGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGTGGGACAGGGTTG 1082
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1254 AGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGTGGGACAGGGTTG 1313

Qy   1083 TGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGAGTAATGGA 1142
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1314 TGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGAGTAATGGA 1373

Qy   1143 ATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTGAA 1202
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1374 ATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTGAA 1433

Qy   1203 TGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACATA 1262
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1434 TGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACATA 1493

Qy   1263 TAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCATGGATTCT 1322
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1494 TAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCATGGATTCT 1553

Qy   1323 GAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAGTTTTATCAAAGC 1382
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1554 GAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAGTTTTATCAAAGC 1613

Qy   1383 AGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGAACGATGTGAACATCGAATCAT 1442
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1614 AGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGAACGATGTGAACATCGAATCAT 1673

Qy   1443 GGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAGGA 1502
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1674 GGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAGGA 1733

Qy   1503 CCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAGAA 1562
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1734 CCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAGAA 1793

Qy   1563 TAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAAAAAGGTTC 1622
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1794 TAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAAAAAGGTTC 1853

Qy   1623 AACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTCAGCCTTCCAGAC 1682
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1854 AACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTCAGCCTTCCAGAC 1913

Qy   1683 CCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGTGTATCGGCTAGC 1742
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1914 CCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGTGTATCGGCTAGC 1973

Qy   1743 CTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAACA 1802
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1974 CTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAACA 2033

Qy   1803 TATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCATGAGAGACAG 1862
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2034 TATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCATGAGAGACAG 2093

Qy   1863 GCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGTGAAGAATATAGA 1922
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2094 GCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGTGAAGAATATAGA 2153

Qy   1923 CCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGCTGTTCAGGAGAC 1982
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2154 CCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGCTGTTCAGGAGAC 2213

Qy   1983 ATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGTATTCTATAACTC 2042
```

```
Db   2214 ATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGTATTCTATAACTC 2273

Qy   2043 GGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCTAC 2102
Db   2274 GGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCTAC 2333

Qy   2103 CTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTACG 2162
Db   2334 CTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTACG 2393

Qy   2163 GATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAAAATTTCAGAAGG 2222
Db   2394 GATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAAAATTTCAGAAGG 2453

Qy   2223 TCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATCAATTGGTGAATC 2282
Db   2454 TCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATCAATTGGTGAATC 2513

Qy   2283 ATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAACAGCGACCGTGT 2342
Db   2514 ATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAACAGCGACCGTGT 2573

Qy   2343 GCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTTGA 2402
Db   2574 GCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTTGA 2633

Qy   2403 TATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTTCA 2462
Db   2634 TATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTTCA 2693

Qy   2463 GCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCAGAAAATGAATGA 2522
Db   2694 GCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCAGAAAATGAATGA 2753

Qy   2523 TAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2553
Db   2754 TAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2784


RESULT   2
I81465
LOCUS       I81465       2994 bp    DNA             PAT       10-JUN-1998
DEFINITION  Sequence 2 from patent US 5710255.
ACCESSION   I81465
VERSION     I81465.1  GI:3209762
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 2994)
  AUTHORS   Shepard,H.Michael and Wen,S.Fen.
  TITLE     Characterization of a novel anti-p110.sup.RB monoclonal antibody
  JOURNAL   Patent: US 5710255-A 2 20-JAN-1998;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .2994
                     /organism="unknown"
BASE COUNT      974 a    618 c    593 g    809 t
ORIGIN


  Query Match             99.9%;  Score 2551;  DB 5;  Length 2994;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 2551;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       3 GGAGAAAGTTTCATCTGTGGATGGAGTATTGGGAGGTTATATTCAAAAGAAAAAGGAACT 62
Db     372 GGAGAAAGTTTCATCTGTGGATGGAGTATTGGGAGGTTATATTCAAAAGAAAAAGGAACT 431

Qy      63 GTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTCGTTCACTTTTAC 122
Db     432 GTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTCGTTCACTTTTAC 491

Qy     123 TGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTTACTAAAAGAAAT 182
Db     492 TGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTTACTAAAAGAAAT 551

Qy     183 TGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATT 242
Db     552 TGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATT 611

Qy     243 GTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAG 302
Db     612 GTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAG 671

Qy     303 CAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACATT 362
Db     672 CAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACATT 731

Qy     363 TTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAGTT 422
Db     732 TTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAGTT 791

Qy     423 AATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAACC 482
Db     792 AATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAACC 851

Qy     483 ATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAA 542
Db     852 ATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAA 911

Qy     543 CAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTG 602
Db     912 CAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTG 971

Qy     603 TAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATACC 662
Db     972 TAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATACC 1031

Qy     663 TTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAAAATCTTTC 722
Db    1032 TTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAAAATCTTTC 1091

Qy     723 TAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAGATTATTTTTGGA 782
Db    1092 TAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAGATTATTTTTGGA 1151

Qy     783 TCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCACG 842
Db    1152 TCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCACG 1211

Qy     843 AAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACTGT 902
Db    1212 AAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACTGT 1271

Qy     903 TATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCAGA 962
Db    1272 TATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCAGA 1331

Qy     963 AAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATACTGAAAAG 1022
Db    1332 AAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATACTGAAAAG 1391

Qy    1023 AGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGTGGGACAGGGTTG 1082
Db    1392 AGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGTGGGACAGGGTTG 1451

Qy    1083 TGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGAGTAATGGA 1142
Db    1452 TGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGAGTAATGGA 1511

Qy    1143 ATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTGAA 1202
Db    1512 ATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTGAA 1571

Qy    1203 TGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACATA 1262
```

```
Db   1572 TGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACATA 1631

Qy   1263 TAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCATGGATTCT 1322
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1632 TAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCATGGATTCT 1691

Qy   1323 GAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAGTTTTATCAAAGC 1382
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1692 GAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAGTTTTATCAAAGC 1751

Qy   1383 AGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGAACGATGTGAACATCGAATCAT 1442
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1752 AGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGAACGATGTGAACATCGAATCAT 1811

Qy   1443 GGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAGGA 1502
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1812 GGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAGGA 1871

Qy   1503 CCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAGAA 1562
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1872 CCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAGAA 1931

Qy   1563 TAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAAAAAGGTTC 1622
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1932 TAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAAAAAGGTTC 1991

Qy   1623 AACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTCAGCCTTCCAGAC 1682
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1992 AACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTCAGCCTTCCAGAC 2051

Qy   1683 CCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGTGTATCGGCTAGC 1742
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2052 CCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGTGTATCGGCTAGC 2111

Qy   1743 CTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAACA 1802
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2112 CTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAACA 2171

Qy   1803 TATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCATGAGAGACAG 1862
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2172 TATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCATGAGAGACAG 2231

Qy   1863 GCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGTGAAGAATATAGA 1922
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2232 GCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGTGAAGAATATAGA 2291

Qy   1923 CCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGCTGTTCAGGAGAC 1982
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2292 CCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGCTGTTCAGGAGAC 2351

Qy   1983 ATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGTATTCTATAACTC 2042
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2352 ATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGTATTCTATAACTC 2411

Qy   2043 GGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCTAC 2102
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2412 GGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCTAC 2471

Qy   2103 CTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTACG 2162
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2472 CTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTACG 2531

Qy   2163 GATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAAAATTTCAGAAGG 2222
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2532 GATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAAAATTTCAGAAGG 2591

Qy   2223 TCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATCAATTGGTGAATC 2282
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2592 TCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATCAATTGGTGAATC 2651

Qy   2283 ATTCCGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAACAGCGACCGTGT 2342
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
Db   2652 ATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAACAGCGACCGTGT 2711

Qy   2343 GCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTTGA 2402
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2712 GCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTTGA 2771

Qy   2403 TATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTTCA 2462
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2772 TATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTTCA 2831

Qy   2463 GCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCAGAAAATGAATGA 2522
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2832 GCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCAGAAAATGAATGA 2891

Qy   2523 TAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2553
          |||||||||||||||||||||||||||||
Db   2892 TAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2922
```

```
RESULT   3
HUMRB1MRNA
LOCUS       HUMRB1MRNA   4839 bp    mRNA            PRI       05-MAY-1995
DEFINITION  Homo sapiens retinoblastoma susceptibility protein (RB1) mRNA and
            mutations.
ACCESSION   L41870
VERSION     L41870.1  GI:793994
KEYWORDS    retinoblastoma protein; retinoblastoma susceptibility.
SOURCE      Homo sapiens cDNA to mRNA.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Mammalia;
            Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (sites)
  AUTHORS   McGee,T.L., Yandell,D.W. and Dryja,T.P.
  TITLE     Structure and partial genomic sequence of the human retinoblastoma
            susceptibility gene
  JOURNAL   Gene 80 (1), 119-128 (1989)
  MEDLINE   90006771
REFERENCE   2  (sites)
  AUTHORS   Hogg,A., Onadim,Z., Baird,P.N. and Cowell,J.K.
  TITLE     Detection of heterozygous mutations in the RB1 gene in
            retinoblastoma patients using single-strand conformation
            polymorphism analysis and polymerase chain reaction sequencing
  JOURNAL   Oncogene 7 (7), 1445-1451 (1992)
  MEDLINE   92319557
REFERENCE   3  (sites)
  AUTHORS   Onadim,Z., Hogg,A., Baird,P.N. and Cowell,J.K.
  TITLE     Oncogenic point mutations in exon 20 of the RB1 gene in families
            showing incomplete penetrance and mild expression of the
            retinoblastoma phenotype
  JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 89 (13), 6177-6181 (1992)
  MEDLINE   92335261
REFERENCE   4  (sites)
  AUTHORS   Onadim,Z., Hogg,A. and Cowell,J.K.
  TITLE     Mechanisms of oncogenesis in patients with familial retinoblastoma
  JOURNAL   Br. J. Cancer 68 (5), 958-964 (1993)
  MEDLINE   94031584
REFERENCE   5  (sites)
  AUTHORS   Hogg,A., Bia,B., Onadim,Z. and Cowell,J.K.
  TITLE     Molecular mechanisms of oncogenic mutations in tumors from patients
            with bilateral and unilateral retinoblastoma
  JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 90 (15), 7351-7355 (1993)
  MEDLINE   93348271
REFERENCE   6  (sites)
  AUTHORS   Kratzke,R.A., Otterson,G.A., Hogg,A., Coxon,A.B., Geradts,J.,
            Cowell,J.K. and Kaye,F.J.
  TITLE     Partial inactivation of the RB product in a family with incomplete
            penetrance of familial retinoblastoma and benign retinal tumors
  JOURNAL   Oncogene 9 (5), 1321-1326 (1994)
  MEDLINE   94203660
COMMENT     Mutation data provided by Dr. B.L.Gallie,
            Hospital for Sick Children
            555 Univ. Ave.
            Toronto ONT W5G 1X8
```

GenCore version 4.5

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: February 13, 2000, 11:15:20 ; Search time 14294.3 Seconds
(without alignments)
-556.962 Million cell updates/sec

Title: US-09-026-459A-30_COPY_7_2628
Perfect score: 2622
Sequence: 1 ATGGATTTTACTGCATTATG.....CCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2622

Scoring table: OLIGO_NUC

Searched: 821193 seqs, -1518192014 residues

Database : GenEmbl:*

Word size : 0

Number of hits that pass the threshold : 1642386

1: gb_ba1:*
2: gb_ba2:*
3: gb_om:*
4: gb_ov:*
5: gb_pat:*
6: gb_ph:*
7: gb_pl1:*
8: gb_pl2:*
9: gb_prl:*
10: gb_pr2:*
11: gb_pr3:*
12: gb_ro:*
13: gb_sts:*
14: gb_sy:*
15: gb_un:*
16: gb_vi:*
17: em_fun:*
18: em_huml:*
19: em_hum2:*
20: em_in:*
21: em_om:*
22: em_or:*
23: em_ov:*
24: em_pat:*
25: em_ph:*
26: em_pl:*
27: em_ro:*
28: em_sts:*
29: em_sy:*
30: em_un:*
31: em_vi:*
32: gb_htg1:*
33: gb_htg2:*
34: gb_in1:*
35: gb_in2:*
36: em_ba1:*
37: em_ba2:*
38: em_hum3:*
39: em_hum4:*
40: gb_pr4:*
41: gb_htg3:*
42: gb_htg4:*
43: gb_htg5:*
44: gb_htg6:*
45: gb_htg7:*
46: em_htg1:*
47: em_htg2:*
48: em_htg3:*
49: em_hum5:*
50: gb_pl3:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
1	2619	99.9	4597	5	I05311	I05311 Sequence 1
2	2619	99.9	2994	5	I81465	I81465 Sequence 2
3	2619	99.9	4839	10	HUMRB1MRNA	L41870 Homo sapien
4	2619	99.9	4600	10	HUMRBA1RA	M33647 Human retin
5	2619	99.9	2994	10	HUMRBSA	M28419 Human retin
6	2568	97.9	4597	5	I09369	I09369 Sequence 1
7	2460	93.8	3232	5	I18496	I18496 Sequence 1
c 8	2460	93.8	3232	5	I18497	I18497 Sequence 2
9	2208	84.2	4740	10	HUMRBS	M15400 Human retin
10	1420	54.2	4580	5	A01444	A01444 H.sapiens D
11	338	12.9	426	11	AF043224	AF043224 Homo sapi
12	207	7.9	480	9	HUMRBSY79	M19701 Human mutat
13	198	7.6	693	5	I09384	I09384 Sequence 17
14	198	7.6	693	9	HUMRBS15	M27858 Human retin
15	198	7.6	180388	9	HUMRETBLAS	L11910 Human retin
16	196	7.5	340	10	HUMRB1501V	L49220 Homo sapien
17	167	6.4	555	10	HUMRB4MU2	L41904 Homo sapien
18	165	6.3	935	5	I09389	I09389 Sequence 22
19	165	6.3	935	9	HUMRBS20	M27863 Human retin
20	165	6.3	420	10	HUMRB23EX	L41910 Homo sapien
21	163	6.2	252	10	HUMRB1777L	L49230 Homo sapien
22	155	5.9	555	10	HUMRB17MU2	L41924 Homo sapien
23	148	5.6	717	5	I09387	I09387 Sequence 20
24	148	5.6	717	9	HUMRBS18	L35147 Human retin
25	148	5.6	717	15	M27861	M27861 Figure 2. R
26	147	5.6	224	10	HUMRB1SDDL	L49225 Homo sapien
27	146	5.6	650	5	I09386	I09386 Sequence 19
28	146	5.6	650	9	HUMRBS17	M27860 Human retin
29	145	5.5	609	5	I09377	I09377 Sequence 10
30	145	5.5	609	9	HUMRBS08	L35146 Human retin
31	145	5.5	316	10	HUMRB08EX	L41896 Homo sapien
32	144	5.5	1310	9	HUMRBS22	M27865 Human retin
33	144	5.5	625	10	HUMRB25EX	L41912 Homo sapien
34	132	5.0	224	10	HUMRB1610K	L49223 Homo sapien
35	131	5.0	317	10	HUMRB17MUT	L41999 Homo sapien
36	125	4.8	350	10	HUMRB20MUU	L41996 Homo sapien
37	124	4.7	444	10	HUMRB04MUT	L41892 Homo sapien
38	124	4.7	483	10	HUMRB19MUT	L41906 Homo sapien
39	123	4.7	570	5	I09373	I09373 Sequence 6
40	123	4.7	570	9	HUMRBS04	M27848 Human retin
41	122	4.7	589	5	I09385	I09385 Sequence 18
42	122	4.7	589	9	HUMRBS16	M27859 Human retin
43	122	4.7	224	10	HUMRB1646F	L49224 Homo sapien
44	122	4.7	222	10	HUMRB18EX	L41905 Homo sapien
45	119	4.5	323	10	HUMRB1D18	L49221 Homo sapien

ALIGNMENTS

RESULT 1
I05311
LOCUS I05311 4597 bp PAT 02-DEC-1994
DEFINITION Sequence 1 from Patent EP 0259031.
ACCESSION I05311
VERSION I05311.1 GI:591083
KEYWORDS .
SOURCE Unknown.
ORGANISM Unknown.
Unclassified.
REFERENCE 1 (bases 1 to 4597)
AUTHORS Dryja,T.P. and Friend,S.

```
  TITLE     Human DNA in the diagnosis of retinoblastoma
  JOURNAL   Patent: EP 0259031-A2 1 09-MAR-1988;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .4597
                     /organism="unknown"
BASE COUNT     1489 a    842 c    812 g   1454 t
ORIGIN

  Query Match           99.9%;  Score 2619;  DB 5;  Length 4597;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 2619;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       4 GATTTTACTGCATTATGTCAGAAATTAAAGATACCAGATCATGTCAGAGAGAGAGCTTGG 63
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     166 GATTTTACTGCATTATGTCAGAAATTAAAGATACCAGATCATGTCAGAGAGAGAGCTTGG 225

Qy      64 TTAACTTGGGAGAAAGTTTCATCTGTGGATGGAGTATTGGGAGGTTATATTCAAAAGAAA 123
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     226 TTAACTTGGGAGAAAGTTTCATCTGTGGATGGAGTATTGGGAGGTTATATTCAAAAGAAA 285

Qy     124 AAGGAACTGTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTCGTTC 183
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     286 AAGGAACTGTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTCGTTC 345

Qy     184 ACTTTTACTGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTTACTA 243
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     346 ACTTTTACTGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTTACTA 405

Qy     244 AAAGAAATTGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTAT 303
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     406 AAAGAAATTGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTAT 465

Qy     304 GATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACA 363
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     466 GATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACA 525

Qy     364 CAACCCAGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGG 423
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     526 CAACCCAGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGG 585

Qy     424 ATCACATTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCA 483
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     586 ATCACATTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCA 645

Qy     484 TTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTGCTC 543
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     646 TTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTGCTC 705

Qy     544 AAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAGGCGA 603
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     706 AAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAGGCGA 765

Qy     604 GGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAA 663
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     766 GGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAA 825

Qy     664 GTTCTCTGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAAT 723
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     826 GTTCTCTGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAAT 885

Qy     724 TTTATACCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAA 783
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     886 TTTATACCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAA 945

Qy     784 AATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAGATTA 843
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     946 AATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAGATTA 1005

Qy     844 TTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACAGAGA 903
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1006 TTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACAGAGA 1065

Qy     904 ACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCCAGTT 963
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1066 ACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCCAGTT 1125

Qy     964 AGGACTGTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAA 1023
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1126 AGGACTGTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAA 1185

Qy    1024 CCTTCAGAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATA 1083
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1186 CCTTCAGAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATA 1245

Qy    1084 CTGAAAAGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGTGGGA 1143
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1246 CTGAAAAGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGTGGGA 1305

Qy    1144 CAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGA 1203
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1306 CAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGA 1365

Qy    1204 GTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAGCAAA 1263
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1366 GTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAGCAAA 1425

Qy    1264 CTTCTGAATGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATG 1323
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1426 CTTCTGAATGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATG 1485

Qy    1324 GCCACATATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCA 1383
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1486 GCCACATATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCA 1545

Qy    1384 TGGATTCTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAGTTTT 1443
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1546 TGGATTCTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAGTTTT 1605

Qy    1444 ATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGAACGATGTGAACAT 1503
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1606 ATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGAACGATGTGAACAT 1665

Qy    1504 CGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAAACAA 1563
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1666 CGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAAACAA 1725

Qy    1564 TCAAAGGACCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCT 1623
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1726 TCAAAGGACCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCT 1785

Qy    1624 CTCCAGAATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAA 1683
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1786 CTCCAGAATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAA 1845

Qy    1684 AAAGGTTCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTCAGCC 1743
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1846 AAAGGTTCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTCAGCC 1905

Qy    1744 TTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGTGTAT 1803
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1906 TTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGTGTAT 1965

Qy    1804 CGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAA 1863
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1966 CGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAA 2025

Qy    1864 TTAGAACATATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCATG 1923
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2026 TTAGAACATATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCATG 2085

Qy    1924 AGAGACAGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGTGAAG 1983
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    2086 AGAGACAGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGTGAAG 2145

Qy    1984 AATATAGACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGCTGTT 2043
```

```
Db   2146 AATATAGACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGCTGTT 2205

Qy   2044 CAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGTATTC 2103
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2206 CAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGTATTC 2265

Qy   2104 TATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGG 2163
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2266 TATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGG 2325

Qy   2164 CCCCCTACCTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCA 2223
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2326 CCCCCTACCTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCA 2385

Qy   2224 CCCTTACGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAAAATT 2283
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2386 CCCTTACGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAAAATT 2445

Qy   2284 TCAGAAGGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATCAATT 2343
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2446 TCAGAAGGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATCAATT 2505

Qy   2344 GGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAACAGC 2403
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2506 GGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAACAGC 2565

Qy   2404 GACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAAACTA 2463
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2566 GACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAAACTA 2625

Qy   2464 CGCTTTGATATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCC 2523
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2626 CGCTTTGATATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCC 2685

Qy   2524 AAATTTCAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCAGAAA 2583
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2686 AAATTTCAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCAGAAA 2745

Qy   2584 ATGAATGATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2622
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2746 ATGAATGATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2784


RESULT 2
I81465
LOCUS       I81465       2994 bp    DNA             PAT       10-JUN-1998
DEFINITION  Sequence 2 from patent US 5710255.
ACCESSION   I81465
VERSION     I81465.1  GI:3209762
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 2994)
  AUTHORS   Shepard,H.Michael and Wen,S.Fen.
  TITLE     Characterization of a novel anti-p110.sup.RB monoclonal antibody
  JOURNAL   Patent: US 5710255-A 2 20-JAN-1998;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .2994
                     /organism="unknown"
BASE COUNT      974 a    618 c    593 g    809 t
ORIGIN


  Query Match           99.9%;  Score 2619;  DB 5;  Length 2994;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 2619;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy       4 GATTTTACTGCATTATGTCAGAAATTAAAGATACCAGATCATGTCAGAGAGAGAGCTTGG 63
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     304 GATTTTACTGCATTATGTCAGAAATTAAAGATACCAGATCATGTCAGAGAGAGAGCTTGG 363

Qy      64 TTAACTTGGGAGAAAGTTTCATCTGTGGATGGAGTATTGGGAGGTTATATTCAAAAGAAA 123
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     364 TTAACTTGGGAGAAAGTTTCATCTGTGGATGGAGTATTGGGAGGTTATATTCAAAAGAAA 423

Qy     124 AAGGAACTGTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTCGTTC 183
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     424 AAGGAACTGTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTCGTTC 483

Qy     184 ACTTTTACTGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTTACTA 243
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     484 ACTTTTACTGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTTACTA 543

Qy     244 AAAGAAATTGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTAT 303
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     544 AAAGAAATTGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTAT 603

Qy     304 GATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACA 363
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     604 GATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACA 663

Qy     364 CAACCCAGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGG 423
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     664 CAACCCAGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGG 723

Qy     424 ATCACATTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCA 483
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     724 ATCACATTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCA 783

Qy     484 TTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTGCTC 543
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     784 TTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTGCTC 843

Qy     544 AAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAGGCGA 603
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     844 AAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAGGCGA 903

Qy     604 GGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAA 663
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     904 GGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAA 963

Qy     664 GTTCTCTGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAAT 723
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db     964 GTTCTCTGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAAT 1023

Qy     724 TTTATACCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAA 783
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1024 TTTATACCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAA 1083

Qy     784 AATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAGATTA 843
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1084 AATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAGATTA 1143

Qy     844 TTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACAGAGA 903
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1144 TTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACAGAGA 1203

Qy     904 ACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCCAGTT 963
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1204 ACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCCAGTT 1263

Qy     964 AGGACTGTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAA 1023
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1264 AGGACTGTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAA 1323

Qy    1024 CCTTCAGAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATA 1083
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1324 CCTTCAGAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATA 1383

Qy    1084 CTGAAAAGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGTGGGA 1143
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    1384 CTGAAAAGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGTGGGA 1443

Qy    1144 CAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGA 1203
```

```
Db  1444 CAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGA 1503

Qy  1204 GTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAGCAAA 1263
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1504 GTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAGCAAA 1563

Qy  1264 CTTCTGAATGACAACATTTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATG 1323
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1564 CTTCTGAATGACAACATTTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATG 1623

Qy  1324 GCCACATATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCA 1383
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1624 GCCACATATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCA 1683

Qy  1384 TGGATTCTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAGTTTT 1443
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1684 TGGATTCTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAGTTTT 1743

Qy  1444 ATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGAACGATGTGAACAT 1503
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1744 ATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGAACGATGTGAACAT 1803

Qy  1504 CGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAAACAA 1563
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1804 CGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAAACAA 1863

Qy  1564 TCAAAGGACCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCT 1623
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1864 TCAAAGGACCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCT 1923

Qy  1624 CTCCAGAATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAA 1683
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1924 CTCCAGAATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAA 1983

Qy  1684 AAAGGTTCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTCAGCC 1743
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  1984 AAAGGTTCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTCAGCC 2043

Qy  1744 TTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGTGTAT 1803
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2044 TTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGTGTAT 2103

Qy  1804 CGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAA 1863
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2104 CGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAA 2163

Qy  1864 TTAGAACATATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCATG 1923
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2164 TTAGAACATATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCATG 2223

Qy  1924 AGAGACAGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGTGAAG 1983
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2224 AGAGACAGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGTGAAG 2283

Qy  1984 AATATAGACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGCTGTT 2043
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2284 AATATAGACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGCTGTT 2343

Qy  2044 CAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGTATTC 2103
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2344 CAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGTATTC 2403

Qy  2104 TATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGG 2163
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2404 TATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGG 2463

Qy  2164 CCCCCTACCTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCA 2223
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2464 CCCCCTACCTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCA 2523

Qy  2224 CCCTTACGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAAAATT 2283
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||

Db  2524 CCCTTACGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAAAATT 2583

Qy  2284 TCAGAAGGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATCAATT 2343
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2584 TCAGAAGGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATCAATT 2643

Qy  2344 GGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAACAGC 2403
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2644 GGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAACAGC 2703

Qy  2404 GACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAAACTA 2463
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2704 GACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAAACTA 2763

Qy  2464 CGCTTTGATATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCC 2523
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2764 CGCTTTGATATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCC 2823

Qy  2524 AAATTTCAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCAGAAA 2583
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2824 AAATTTCAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCAGAAA 2883

Qy  2584 ATGAATGATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2622
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db  2884 ATGAATGATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2922
```

```
RESULT  3
HUMRB1MRNA
LOCUS       HUMRB1MRNA   4839 bp    mRNA            PRI       05-MAY-1995
DEFINITION  Homo sapiens retinoblastoma susceptibility protein (RB1) mRNA and
            mutations.
ACCESSION   L41870
VERSION     L41870.1  GI:793994
KEYWORDS    retinoblastoma protein; retinoblastoma susceptibility.
SOURCE      Homo sapiens cDNA to mRNA.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Mammalia;
            Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (sites)
  AUTHORS   McGee,T.L., Yandell,D.W. and Dryja,T.P.
  TITLE     Structure and partial genomic sequence of the human retinoblastoma
            susceptibility gene
  JOURNAL   Gene 80 (1), 119-128 (1989)
  MEDLINE   90006771
REFERENCE   2  (sites)
  AUTHORS   Hogg,A., Onadim,Z., Baird,P.N. and Cowell,J.K.
  TITLE     Detection of heterozygous mutations in the RB1 gene in
            retinoblastoma patients using single-strand conformation
            polymorphism analysis and polymerase chain reaction sequencing
  JOURNAL   Oncogene 7 (7), 1445-1451 (1992)
  MEDLINE   92319557
REFERENCE   3  (sites)
  AUTHORS   Onadim,Z., Hogg,A., Baird,P.N. and Cowell,J.K.
  TITLE     Oncogenic point mutations in exon 20 of the RB1 gene in families
            showing incomplete penetrance and mild expression of the
            retinoblastoma phenotype
  JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 89 (13), 6177-6181 (1992)
  MEDLINE   92335261
REFERENCE   4  (sites)
  AUTHORS   Onadim,Z., Hogg,A. and Cowell,J.K.
  TITLE     Mechanisms of oncogenesis in patients with familial retinoblastoma
  JOURNAL   Br. J. Cancer 68 (5), 958-964 (1993)
  MEDLINE   94031584
REFERENCE   5  (sites)
  AUTHORS   Hogg,A., Bia,B., Onadim,Z. and Cowell,J.K.
  TITLE     Molecular mechanisms of oncogenic mutations in tumors from patients
            with bilateral and unilateral retinoblastoma
  JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 90 (15), 7351-7355 (1993)
  MEDLINE   93348271
REFERENCE   6  (sites)
  AUTHORS   Kratzke,R.A., Otterson,G.A., Hogg,A., Coxon,A.B., Geradts,J.,
            Cowell,J.K. and Kaye,F.J.
```

```
OM of: US-09-026-459A-35 to: GenEmbl:*   out_format : pfs

Date: Feb 13, 2000  8:10 PM

About: Results were produced by the GenCore software, version 4.5,
       Copyright (c) 1993-1998 Compugen Ltd.

Command line parameters:
 -MODEL=frame+_p2n.model -DEV=xlp
 -Q=/cgn2_1/USPTO_spool/US09026459/runat_12022000_171247_15926/app_query.fasta.1
 -DB=GenEmbl -QFMT=fastap -SUFFIX=oligo.rge -GAPOP=4.500
 -GAPEXT=0.050 -MINMATCH=0.100 -LOOPCL=0.000 -LOOPEXT=0.000
 -QGAPOP=4.500 -QGAPEXT=0.050 -XGAPOP=60.000 -XGAPEXT=60.000
 -FGAPOP=6.000 -FGAPEXT=7.000 -YGAPOP=60.000 -YGAPEXT=60.000
 -DELOP=6.000 -DELEXT=7.000 -START=1 -MATRIX=oligo
 -TRANS=human40.cdi -LIST=45 -DOCALIGN=200 -THR_SCORE=quality
 -T[redacted]N=1 -ALIGN=15 -MODE=LOCAL -OUTFMT=pfs -NORM=ext -MINLEN=0
 -MA[redacted]N=1000000 -USER=US09026459 -NCPU=6 -ICPU=3 -NO_XLPXY -WAIT
 -THREADS=1

Search information block:
Query: US-09-026-459A-35
Query length: 832
Database: GenEmbl:*
Database sequences: 821193
Database length: ~1518192014
Search time (sec): 10867.920000

WARN: XGAPOP and YGAPOP must be equal. Assuming YGAPOP=XGAPOP=60.000
WARN: XGAPEXT and YGAPEXT must be equal. Assuming YGAPEXT=XGAPEXT=60.000


score_list:
Sequence              Strd Orig    ZScore    EScore Len   ! Documentation  ..
gb_pat:I05311           +  831.00 15709.34  0.0       4597  ! I05311 Sequence 1 from Patent
gb_pat:I81465           +  831.00 15712.37  0.0       2994  ! I81465 Sequence 2 from patent
gb_pr2:HUMRB1MRNA       +  831.00 15708.97  0.0       4839  ! L41870 Homo sapiens retinobla
gb_pr2:HUMRBA1RA        +  831.00 15709.33  0.0       4600  ! M33647 Human retinoblastoma a
gb_pr2:HUMRBSA          +  831.00 15712.37  0.0       2994  ! M28419 Human retinoblastoma s
gb_pat:I18496           +  820.00 15503.30  0.0       3232  ! I18496 Sequence 1 from patent
gb_pat:I18497           -  820.00 15503.30  0.0       3232  ! I18497 Sequence 2 from patent
gb_pat:I09369           +  780.00 14742.52  0.0       4597  ! I09369 Sequence 1 from Patent
gb_pr2:HUMRBS           +  602.00 11367.93  0.0       4740  ! M15400 Human retinoblastoma s
gb_pa[redacted]A01444   +  286.00 5377.71   1.6e-291  4580  ! A01444 H.sapiens DNA for 4.6 k
gb_[redacted]F043224    +  103.00 1925.37   3.2e-99   426   ! AF043224 Homo sapiens retinobla
gb_p[redacted]12560     +   72.00 1320.87   1.5e-65   4591  ! E12560 cDNA encoding Rb (retin
gb_ro:MUSPP105RB        +   72.00 1320.87   1.5e-65   4591  ! M26391 Mouse retinoblastoma su
gb_pr1:HUMRBSY79        +   68.00 1261.02   3.2e-62   480   ! M19701 Human mutated retinoblas
gb_pr2:HUMRB1501V       +   66.00 1225.55   3.1e-60   340   ! L49220 Homo sapiens retinoblast
gb_pat:I09384           +   65.00 1201.55   6.6e-59   693   ! I09384 Sequence 17 from Patent
gb_pr1:HUMRBS15         +   65.00 1201.55   6.6e-59   693   ! M27858 Human retinoblastoma sus
gb_pr1:HUMRETBLAS       +   65.00 1162.17   1.0e-56   180388  ! L11910 Human retinoblastoma
gb_ro:RATRP             +   59.00 1074.67   7.8e-52   4432  ! D25233 Rat mRNA for retinoblas
gb_pat:I09389           +   55.00 1009.86   3.2e-48   935   ! I09389 Sequence 22 from Patent
gb_pr1:HUMRBS20         +   55.00 1009.86   3.2e-48   935   ! M27863 Human retinoblastoma sus
gb_pr2:HUMRB23EX        +   55.00 1015.53   1.5e-48   420   ! L41910 Homo sapiens retinoblast
gb_pr2:HUMRB4MU2        +   55.00 1013.55   2.0e-48   555   ! L41904 Homo sapiens retinoblast
gb_pr2:HUMRB1777L       +   54.00 1000.19   1.1e-47   252   ! L49230 Homo sapiens retinoblast
gb_ro:RATRTNBLST        +   52.00  947.25   9.7e-45   2102  ! L07126 Rattus norvegicus retin
gb_pr2:HUMRB17MU2       +   51.00  937.72   3.3e-44   555   ! L41924 Homo sapiens retinoblast
gb_pat:I09387           +   49.00  898.00   5.4e-42   717   ! I09387 Sequence 20 from Patent
gb_pr1:HUMRBS18         +   49.00  898.00   5.4e-42   717   ! L35147 Human retinoblastoma sus
gb_pr2:HUMRB1SDDL       +   49.00  906.23   1.9e-42   224   ! L49225 Homo sapiens retinoblast
gb_un:M27861            +   49.00  898.00   5.4e-42   717   ! M27861 Figure 2. Retinoblastoma
gb_pat:I09377           +   48.00  880.20   5.3e-41   609   ! I09377 Sequence 10 from Patent
gb_pat:I09386           +   48.00  879.73   5.6e-41   650   ! I09386 Sequence 19 from Patent
gb_pr1:HUMRBS08         +   48.00  880.20   5.3e-41   609   ! L35146 Human retinoblastoma sus
gb_pr1:HUMRBS17         +   48.00  879.73   5.6e-41   650   ! M27860 Human retinoblastoma sus
gb_pr2:HUMRB08EX        +   48.00  884.84   2.9e-41   316   ! L41896 Homo sapiens retinoblast
gb_pr1:HUMRBS22         +   47.00  855.82   1.2e-39   1310  ! M27865 Human retinoblastoma su
gb_pr2:HUMRB25EX        +   47.00  861.05   6.1e-40   625   ! L41912 Homo sapiens retinoblast
gb_pr2:HUMRB1610K       +   43.00  792.49   4.0e-36   224   ! L49223 Homo sapiens retinoblast
gb_pr2:HUMRB17MUT       +   43.00  790.03   5.5e-36   317   ! L41999 Homo sapiens retinoblast
gb_pat:I09373           +   41.00  747.96   1.2e-33   570   ! I09373 Sequence 6 from Paten
gb_pr1:HUMRBS04         +   41.00  747.96   1.2e-33   570   ! M27848 Human retinoblastoma
gb_pr2:HUMRB04MUT       +   41.00  749.73   9.7e-34   444   ! L41892 Homo sapiens retinobl
gb_pr2:HUMRB19MUT       +   41.00  749.14   1.1e-33   483   ! L41906 Homo sapiens retinobl
gb_pr2:HUMRB20MUU       +   41.00  751.42   7.9e-34   350   ! L41996 Homo sapiens retinobl
gb_pat:I09385           +   40.00  728.77   1.4e-32   589   ! I09385 Sequence 18 from Pate

seq_name: gb_pat:I05311

seq_documentation_block:
LOCUS       I05311       4597 bp                    PAT       02-DEC-1994
DEFINITION  Sequence 1 from Patent EP 0259031.
ACCESSION   I05311
VERSION     I05311.1  GI:591083
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4597)
  AUTHORS   Dryja,T.P. and Friend,S.
  TITLE     Human DNA in the diagnosis of retinoblastoma
  JOURNAL   Patent: EP 0259031-A2 1 09-MAR-1988;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .4597
                     /organism="unknown"
BASE COUNT     1489 a    842 c    812 g   1454 t
ORIGIN


alignment_scores:
            Quality:  831.00            Length:    831
              Ratio:  1.000               Gaps:      0
 Percent Similarity: 100.000   Percent Identity: 100.000

alignment_block:
 US-09-026-459A-35 x I05311   ..

 Align seg 1/1  to: I05311  from: 1  to: 4597

       2 LeuTrpGlyIleCysIlePheIleAlaAlaValAspLeuAspGluMetSe 18
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     292 CTGTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTC 341

      18 rPheThrPheThrGluLeuGlnLysAsnIleGluIleSerValHisLysP 35
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     342 GTTCACTTTTACTGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAAT 391

      35 hePheAsnLeuLeuLysGluIleAspThrSerThrLysValAspAsnAla 51
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     392 TCTTTAACTTACTAAAAGAAATTGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCT 441

      52 MetSerArgLeuLeuLysLysTyrAspValLeuPheAlaLeuPheSerLy 68
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     442 ATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAA 491

      68 sLeuGluArgThrCysGluLeuIleTyrLeuThrGlnProSerSerSerI 85
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     492 ATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAGCAGTTCGA 541

      85 leSerThrGluIleAsnSerAlaLeuValLeuLysValSerTrpIleThr 101
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     542 TATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACA 591

     102 PheLeuLeuAlaLysGlyGluValLeuGlnMetGluAspAspLeuValIl 118
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     592 TTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGAT 641

     118 eSerPheGlnLeuMetLeuCysValLeuAspTyrPheIleLysLeuSerP 135
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     642 TTCATTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCAC 691

     135 roProMetLeuLeuLysGluProTyrLysThrAlaValIleProIleAsn 151
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
 692 CTCCCATGTTGCTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAAT 741

 152 GlySerProArgThrProArgArgGlyGlnAsnArgSerAlaArgIleAl 168
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 742 GGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGC 791

 168 aLysGlnLeuGluAsnAspThrArgIleIleGluValLeuCysLysGluH 185
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 792 AAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTGTAAAGAAC 841

 185 isGluCysAsnIleAspGluValLysAsnValTyrPheLysAsnPheIle 201
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 842 ATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATA 891

 202 ProPheMetAsnSerLeuGlyLeuValThrSerAsnGlyLeuProGluVa 218
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 892 CCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGT 941

 218 lGluAsnLeuSerLysArgTyrGluGluIleTyrLeuLysAsnLysAspL 235
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 942 TGAAAATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATC 991

 235 euAspAlaArgLeuPheLeuAspHisAspLysThrLeuGlnThrAspSer 251
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 992 TAGATGCAAGATTATTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCT 1041

 252 IleAspSerPheGluThrGlnArgThrProArgLysSerAsnLeuAspGl 268
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1042 ATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGA 1091

 268 uGluValAsnValIleProProHisThrProValArgThrValMetAsnT 285
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1092 AGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACTGTTATGAACA 1141

 285 hrIleGlnGlnLeuMetMetIleLeuAsnSerAlaSerAspGlnProSer 301
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1142 CTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCA 1191

 302 GluAsnLeuIleSerTyrPheAsnAsnCysThrValAsnProLysGluSe 318
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1192 GAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAG 1241

 318 rIleLeuLysArgValLysAspIleGlyTyrIlePheLysGluLysPheA 335
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1242 TATACTGAAAAGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTG 1291

 335 laLysAlaValGlyGlnGlyCysValGluIleGlySerGlnArgTyrLys 351
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1292 CTAAAGCTGTGGGACAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAA 1341

 352 LeuGlyValArgLeuTyrTyrArgValMetGluSerMetLeuLysSerGl 368
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1342 CTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGAGTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGA 1391

 368 uGluGluArgLeuSerIleGlnAsnPheSerLysLeuLeuAsnAspAsnI 385
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1392 AGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTGAATGACAACA 1441

 385 lePheHisMetSerLeuLeuAlaCysAlaLeuGluValValMetAlaThr 401
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1442 TTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACA 1491

 402 TyrSerArgSerThrSerGlnAsnLeuAspSerGlyThrAspLeuSerPh 418
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1492 TATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTT 1541

 418 eProTrpIleLeuAsnValLeuAsnLeuLysAlaPheAspPheTyrLysV 435
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1542 CCCATGGATTCTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAG 1591

 435 alIleGluSerPheIleLysAlaGluGlyAsnLeuThrArgGluMetIle 451
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1592 TGATCGAAAGTTTTATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATA 1641
```

```
 452 LysHisLeuGluArgCysGluHisArgIleMetGluSerLeuAlaTrpLe 468
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1642 AAACATTTAGAACGATGTGAACATCGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCT 1691

 468 uSerAspSerProLeuPheAspLeuIleLysGlnSerLysAspArgGluG 485
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1692 CTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAGGACCGAGAAG 1741

 485 lyProThrAspHisLeuGluSerAlaCysProLeuAsnLeuProLeuGln 501
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1742 GACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAG 1791

 502 AsnAsnHisThrAlaAlaAspMetTyrLeuSerProValArgSerProLy 518
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1792 AATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAA 1841

 518 sLysLysGlySerThrThrArgValAsnSerThrAlaAsnAlaGluThrG 535
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1842 GAAAAAAGGTTCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACAC 1891

 535 lnAlaThrSerAlaPheGlnThrGlnLysProLeuLysSerThrSerLeu 551
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1892 AAGCAACCTCAGCCTTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTT 1941

 552 SerLeuPheTyrLysLysValTyrArgLeuAlaTyrLeuArgLeuAsnTh 568
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1942 TCACTGTTTTATAAAAAAGTGTATCGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATAC 1991

 568 rLeuCysGluArgLeuLeuSerGluHisProGluLeuGluHisIleIleT 585
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1992 ACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAACATATCATCT 2041

 585 rpThrLeuPheGlnHisThrLeuGlnAsnGluTyrGluLeuMetArgAsp 601
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2042 GGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCATGAGAGAC 2091

 602 ArgHisLeuAspGlnIleMetMetCysSerMetTyrGlyIleCysLysVa 618
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2092 AGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGT 2141

 618 lLysAsnIleAspLeuLysPheLysIleIleValThrAlaTyrLysAspL 635
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2142 GAAGAATATAGACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATC 2191

 635 euProHisAlaValGlnGluThrPheLysArgValLeuIleLysGluGlu 651
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2192 TTCCTCATGCTGTTCAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAG 2241

 652 GluTyrAspSerIleIleValPheTyrAsnSerValPheMetGlnArgLe 668
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2242 GAGTATGATTCTATTATAGTATTCTATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACT 2291

 668 uLysThrAsnIleLeuGlnTyrAlaSerThrArgProProThrLeuSerP 685
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2292 GAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCTACCTTGTCAC 2341

 685 roIleProHisIleProArgSerProTyrLysPheProSerSerProLeu 701
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2342 CAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTA 2391

 702 ArgIleProGlyGlyAsnIleTyrIleSerProLeuLysSerProTyrLy 718
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2392 CGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAA 2441

 718 sIleSerGluGlyLeuProThrProThrLysMetThrProArgSerArgI 735
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2442 AATTTCAGAAGGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAA 2491

 735 leLeuValSerIleGlyGluSerPheGlyThrSerGluLysPheGlnLys 751
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2492 TCTTAGTATCAATTGGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAA 2541
```

```
     752 IleAsnGlnMetValCysAsnSerAspArgValLeuLysArgSerAlaGl 768
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2542 ATAAATCAGATGGTATGTAACAGCGACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGA 2591

     768 uGlySerAsnProProLysProLeuLysLysLeuArgPheAspIleGluG 785
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2592 AGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTTGATATTGAAG 2641

     785 lySerAspGluAlaAspGlySerLysHisLeuProGlyGluSerLysPhe 801
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2642 GATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTT 2691

     802 GlnGlnLysLeuAlaGluMetThrSerThrArgThrArgMetGlnLysGl 818
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2692 CAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCA 2741

     [redacted]nLysMetAsnAspSerMetAspThrSerAsnLysGluGluLys 832
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2742 GAAAATGAATGATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2784

seq_name: gb_pat:I81465

seq_documentation_block:
LOCUS       I81465       2994 bp    DNA             PAT       10-JUN-1998
DEFINITION  Sequence 2 from patent US 5710255.
ACCESSION   I81465
VERSION     I81465.1  GI:3209762
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 2994)
  AUTHORS   Shepard,H.Michael and Wen,S.Fen.
  TITLE     Characterization of a novel anti-p110.sup.RB monoclonal antibody
  JOURNAL   Patent: US 5710255-A 2 20-JAN-1998;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .2994
                     /organism="unknown"
BASE COUNT      974 a    618 c    593 g    809 t
ORIGIN


alignment_scores:
           Quality:  831.00             Length:    831
             Ratio:  1.000                Gaps:      0
[redacted]Similarity: 100.000   Percent Identity: 100.000

alignment_block:
 US-09-026-459A-35 x I81465   ..

 Align seg 1/1  to: I81465  from: 1  to: 2994

       2 LeuTrpGlyIleCysIlePheIleAlaAlaValAspLeuAspGluMetSe 18
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     430 CTGTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTC 479

      18 rPheThrPheThrGluLeuGlnLysAsnIleGluIleSerValHisLysP 35
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     480 GTTCACTTTTACTGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAAT 529

      35 hePheAsnLeuLeuLysGluIleAspThrSerThrLysValAspAsnAla 51
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     530 TCTTTAACTTACTAAAAGAAATTGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCT 579

      52 MetSerArgLeuLeuLysLysTyrAspValLeuPheAlaLeuPheSerLy 68
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     580 ATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAA 629

      68 sLeuGluArgThrCysGluLeuIleTyrLeuThrGlnProSerSerSerI 85
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     630 ATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAGCAGTTCGA 679

      85 leSerThrGluIleAsnSerAlaLeuValLeuLysValSerTrpIleThr 101
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     680 TATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACA 729

      102 PheLeuLeuAlaLysGlyGluValLeuGlnMetGluAspAspLeuValIl 118
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      730 TTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGAT 779

      118 eSerPheGlnLeuMetLeuCysValLeuAspTyrPheIleLysLeuSerP 135
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      780 TTCATTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCAC 829

      135 roProMetLeuLeuLysGluProTyrLysThrAlaValIleProIleAsn 151
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      830 CTCCCATGTTGCTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAAT 879

      152 GlySerProArgThrProArgArgGlyGlnAsnArgSerAlaArgIleAl 168
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      880 GGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGC 929

      168 aLysGlnLeuGluAsnAspThrArgIleIleGluValLeuCysLysGluH 185
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      930 AAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTGTAAAGAAC 979

      185 isGluCysAsnIleAspGluValLysAsnValTyrPheLysAsnPheIle 201
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
      980 ATGAATGTAATATAGATGAGGT[redacted]AAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATA 1029

      202 ProPheMetAsnSerLeuGlyLeuValThrSerAsnGlyLeuProGluVa 218
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     1030 CCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGT 1079

      218 lGluAsnLeuSerLysArgTyrGluGluIleTyrLeuLysAsnLysAspL 235
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     1080 TGAAAATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATC 1129

      235 euAspAlaArgLeuPheLeuAspHisAspLysThrLeuGlnThrAspSer 251
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     1130 TAGATGCAAGATTATTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCT 1179

      252 IleAspSerPheGluThrGlnArgThrProArgLysSerAsnLeuAspGl 268
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     1180 ATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGA 1229

      268 uGluValAsnValIleProProHisThrProValArgThrValMetAsnT 285
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     1230 AGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACTGTTATGAACA 1279

      285 hrIleGlnGlnLeuMetMetIleLeuAsnSerAlaSerAspGlnProSer 301
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     1280 CTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCA 1329

      302 GluAsnLeuIleSerTyrPheAsnAsnCysThrValAsnProLysGluSe 318
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     1330 GAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAG 1379

      318 rIleLeuLysArgValLysAspIleGlyTyrIlePheLysGluLysPheA 335
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     1380 TATACTGAAAAGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTG 1429

      335 laLysAlaValGlyGlnGlyCysValGluIleGlySerGlnArgTyrLys 351
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     1430 CTAAAGCTGTGGGACAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAA 1479

      352 LeuGlyValArgLeuTyrTyrArgValMetGluSerMetLeuLysSerGl 368
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     1480 CTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGAGTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGA 1529

      368 uGluGluArgLeuSerIleGlnAsnPheSerLysLeuLeuAsnAspAsnI 385
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     1530 AGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTGAATGACAACA 1579

      385 lePheHisMetSerLeuLeuAlaCysAlaLeuGluValValMetAlaThr 401
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
1580 TTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACA 1629

 402 TyrSerArgSerThrSerGlnAsnLeuAspSerGlyThrAspLeuSerPh 418
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1630 TATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTT 1679

 418 eProTrpIleLeuAsnValLeuAsnLeuLysAlaPheAspPheTyrLysV 435
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1680 CCCATGGATTCTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAG 1729

 435 alIleGluSerPheIleLysAlaGluGlyAsnLeuThrArgGluMetIle 451
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1730 TGATCGAAAGTTTTATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATA 1779

 452 LysHisLeuGluArgCysGluHisArgIleMetGluSerLeuAlaTrpLe 468
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1780 AAACATTTAGAACGATGTGAACATCGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCT 1829

 468 uSerAspSerProLeuPheAspLeuIleLysGlnSerLysAspArgGluG 485
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1830 CTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAGGACCGAGAAG 1879

 485 lyProThrAspHisLeuGluSerAlaCysProLeuAsnLeuProLeuGln 501
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1880 GACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAG 1929

 502 AsnAsnHisThrAlaAlaAspMetTyrLeuSerProValArgSerProLy 518
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1930 AATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAA 1979

 518 sLysLysGlySerThrThrArgValAsnSerThrAlaAsnAlaGluThrG 535
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1980 GAAAAAAGGTTCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACAC 2029

 535 lnAlaThrSerAlaPheGlnThrGlnLysProLeuLysSerThrSerLeu 551
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2030 AAGCAACCTCAGCCTTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTT 2079

 552 SerLeuPheTyrLysLysValTyrArgLeuAlaTyrLeuArgLeuAsnTh 568
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2080 TCACTGTTTTATAAAAAAGTGTATCGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATAC 2129

 568 rLeuCysGluArgLeuLeuSerGluHisProGluLeuGluHisIleIleT 585
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2130 ACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAACATATCATCT 2179

 585 rpThrLeuPheGlnHisThrLeuGlnAsnGluTyrGluLeuMetArgAsp 601
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2180 GGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCATGAGAGAC 2229

 602 ArgHisLeuAspGlnIleMetMetCysSerMetTyrGlyIleCysLysVa 618
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2230 AGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGT 2279

 618 lLysAsnIleAspLeuLysPheLysIleIleValThrAlaTyrLysAspL 635
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2280 GAAGAATATAGACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATC 2329

 635 euProHisAlaValGlnGluThrPheLysArgValLeuIleLysGluGlu 651
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2330 TTCCTCATGCTGTTCAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAG 2379

 652 GluTyrAspSerIleIleValPheTyrAsnSerValPheMetGlnArgLe 668
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2380 GAGTATGATTCTATTATAGTATTCTATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACT 2429

 668 uLysThrAsnIleLeuGlnTyrAlaSerThrArgProProThrLeuSerP 685
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2430 GAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCTACCTTGTCAC 2479

 685 roIleProHisIleProArgSerProTyrLysPheProSerSerProLeu 701
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2480 CAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTA 2529

 702 ArgIleProGlyGlyAsnIleTyrIleSerProLeuLysSerProTyrLy 718
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2530 CGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAA 2579

 718 sIleSerGluGlyLeuProThrProThrLysMetThrProArgSerArgI 735
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2580 AATTTCAGAAGGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAA 2629

 735 leLeuValSerIleGlyGluSerPheGlyThrSerGluLysPheGlnLys 751
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2630 TCTTAGTATCAATTGGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAA 2679

 752 IleAsnGlnMetValCysAsnSerAspArgValLeuLysArgSerAlaGl 768
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2680 ATAAATCAGATGGTATGTAACAGCGACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGA 2729

 768 uGlySerAsnProProLysProLeuLysLysLeuArgPheAspIleGluG 785
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2730 AGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTTGATATTGAAG 2779

 785 lySerAspGluAlaAspGlySerLysHisLeuProGlyGluSerLysPhe 801
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2780 GATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTT 2829

 802 GlnGlnLysLeuAlaGluMetThrSerThrArgThrArgMetGlnLysGl 818
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2830 CAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCA 2879

 818 nLysMetAsnAspSerMetAspThrSerAsnLysGluGluLys 832
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2880 GAAAATGAATGATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2922
```

seq_name: gb_pr2:HUMRB1MRNA

seq_documentation_block:

```
LOCUS       HUMRB1MRNA   4839 bp    mRNA            PRI       05-MAY-1995
DEFINITION  Homo sapiens retinoblastoma susceptibility protein (RB1) mRNA and
            mutations.
ACCESSION   L41870
VERSION     L41870.1  GI:793994
KEYWORDS    retinoblastoma protein; retinoblastoma susceptibility.
SOURCE      Homo sapiens cDNA to mRNA.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Mammalia;
            Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (sites)
  AUTHORS   McGee,T.L., Yandell,D.W. and Dryja,T.P.
  TITLE     Structure and partial genomic sequence of the human retinoblastoma
            susceptibility gene
  JOURNAL   Gene 80 (1), 119-128 (1989)
  MEDLINE   90006771
REFERENCE   2  (sites)
  AUTHORS   Hogg,A., Onadim,Z., Baird,P.N. and Cowell,J.K.
  TITLE     Detection of heterozygous mutations in the RB1 gene in
            retinoblastoma patients using single-strand conformation
            polymorphism analysis and polymerase chain reaction sequencing
  JOURNAL   Oncogene 7 (7), 1445-1451 (1992)
  MEDLINE   92319557
REFERENCE   3  (sites)
  AUTHORS   Onadim,Z., Hogg,A., Baird,P.N. and Cowell,J.K.
  TITLE     Oncogenic point mutations in exon 20 of the RB1 gene in families
            showing incomplete penetrance and mild expression of the
            retinoblastoma phenotype
  JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 89 (13), 6177-6181 (1992)
  MEDLINE   92335261
REFERENCE   4  (sites)
  AUTHORS   Onadim,Z., Hogg,A. and Cowell,J.K.
  TITLE     Mechanisms of oncogenesis in patients with familial retinoblastoma
  JOURNAL   Br. J. Cancer 68 (5), 958-964 (1993)
  MEDLINE   94031584
REFERENCE   5  (sites)
  AUTHORS   Hogg,A., Bia,B., Onadim,Z. and Cowell,J.K.
```

```
1473 ATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGAGTAATGGAATCCATGCTTA 1522

 385 ysSerGluGluGluArgLeuSerIleGlnAsnPheSerLysLeuLeuAsn 401
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1523 AATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTGAAT 1572

 402 AspAsnIlePheHisMetSerLeuLeuAlaCysAlaLeuGluValValMe 418
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1573 GACAACATTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAAT 1622

 418 tAlaThrTyrSerArgSerThrSerGlnAsnLeuAspSerGlyThrAspL 435
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1623 GGCCACATATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATT 1672

 435 euSerPheProTrpIleLeuAsnValLeuAsnLeuLysAlaPheAspPhe 451
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1673 TGTCTTTCCCATGGATTCTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTT 1722

 452 TyrLysValIleGluSerPheIleLysAlaGluGlyAsnLeuThrArgGl 468
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1723 TACAAAGTGATCGAAAGTTTTATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGA 1772

 468 uMetIleLysHisLeuGluArgCysGluHisArgIleMetGluSerLeuA 485
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1773 AATGATAAAACATTTAGAACGATGTGAACATCGAATCATGGAATCCCTTG 1822

 485 laTrpLeuSerAspSerProLeuPheAspLeuIleLysGlnSerLysAsp 501
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1823 CATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAGGAC 1872

 502 ArgGluGlyProThrAspHisLeuGluSerAlaCysProLeuAsnLeuPr 518
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1873 CGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCC 1922

 518 oLeuGlnAsnAsnHisThrAlaAlaAspMetTyrLeuSerProValArgS 535
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1923 TCTCCAGAATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGAT 1972

 535 erProLysLysLysGlySerThrThrArgValAsnSerThrAlaAsnAla 551
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1973 CTCCAAAGAAAAAAGGTTCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCA 2022

 552 GluThrGlnAlaThrSerAlaPheGlnThrGlnLysProLeuLysSerTh 568
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2023 GAGACACAAGCAACCTCAGCCTTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTAC 2072

 568 rSerLeuSerLeuPheTyrLysLysValTyrArgLeuAlaTyrLeuArgL 585
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2073 CTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGTGTATCGGCTAGCCTATCTCCGGC 2122

 585 euAsnThrLeuCysGluArgLeuLeuSerGluHisProGluLeuGluHis 601
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2123 TAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAACAT 2172

 602 IleIleTrpThrLeuPheGlnHisThrLeuGlnAsnGluTyrGluLeuMe 618
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2173 ATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCAT 2222

 618 tArgAspArgHisLeuAspGlnIleMetMetCysSerMetTyrGlyIleC 635
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2223 GAGAGACAGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATAT 2272

 635 ysLysValLysAsnIleAspLeuLysPheLysIleIleValThrAlaTyr 651
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2273 GCAAAGTGAAGAATATAGACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATAC 2322

 652 LysAspLeuProHisAlaValGlnGluThrPheLysArgValLeuIleLy 668
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2323 AAGGATCTTCCTCATGCTGTTCAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAA 2372

 668 sGluGluGluTyrAspSerIleIleValPheTyrAsnSerValPheMetG 685
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2373 AGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGTATTCTATAACTCGGTCTTCATGC 2422

 685 lnArgLeuLysThrAsnIleLeuGlnTyrAlaSerThrArgProProThr 701
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2423 AGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCTACC 2472

 702 LeuSerProIleProHisIleProArgSerProTyrLysPheProSerSe 718
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2473 TTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTC 2522

 718 rProLeuArgIleProGlyGlyAsnIleTyrIleSerProLeuLysSerP 735
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2523 ACCCTTACGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTC 2572

 735 roTyrLysIleSerGluGlyLeuProThrProThrLysMetThrProArg 751
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2573 CATATAAAATTTCAGAAGGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGA 2622

 752 SerArgIleLeuValSerIleGlyGluSerPheGlyThrSerGluLysPh 768
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2623 TCAAGAATCTTAGTATCAATTGGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTT 2672

 768 eGlnLysIleAsnGlnMetValCysAsnSerAspArgValLeuLysArgS 785
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2673 CCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAACAGCGACCGTGTGCTCAAAAGAA 2722

 785 erAlaGluGlySerAsnProProLysProLeuLysLysLeuArgPheAsp 801
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2723 GTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTTGAT 2772

 802 IleGluGlySerAspGluAlaAspGlySerLysHisLeuProGlyGluSe 818
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2773 ATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTC 2822

 818 rLysPheGlnGlnLysLeuAlaGluMetThrSerThrArgThrArgMetG 835
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2823 CAAATTTCAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGC 2872

 835 lnLysGlnLysMetAsnAspSerMetAspThrSerAsnLysGluGluLys 851
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2873 AAAAGCAGAAAATGAATGATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2922
```

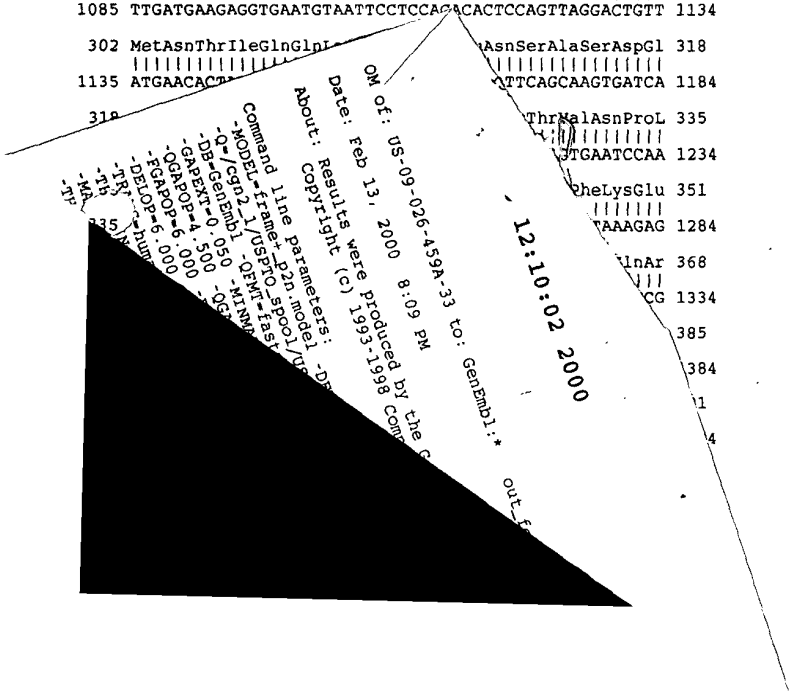
seq_name: *gb_pr2:HUMRB1MRNA*

seq_documentation_block:

```
LOCUS       HUMRB1MRNA   4839 bp    mRNA            PRI       05-MAY-1995
DEFINITION  Homo sapiens retinoblastoma susceptibility protein (RB1) mRNA and
            mutations.
ACCESSION   L41870
VERSION     L41870.1  GI:793994
KEYWORDS    retinoblastoma protein; retinoblastoma susceptibility.
SOURCE      Homo sapiens cDNA to mRNA.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Mammalia;
            Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (sites)
  AUTHORS   McGee,T.L., Yandell,D.W. and Dryja,T.P.
  TITLE     Structure and partial genomic sequence of the human retinoblastoma
            susceptibility gene
  JOURNAL   Gene 80 (1), 119-128 (1989)
  MEDLINE   90006771
REFERENCE   2  (sites)
  AUTHORS   Hogg,A., Onadim,Z., Baird,P.N. and Cowell,J.K.
  TITLE     Detection of heterozygous mutations in the RB1 gene in
            retinoblastoma patients using single-strand conformation
            polymorphism analysis and polymerase chain reaction sequencing
  JOURNAL   Oncogene 7 (7), 1445-1451 (1992)
  MEDLINE   92319557
REFERENCE   3  (sites)
  AUTHORS   Onadim,Z., Hogg,A., Baird,P.N. and Cowell,J.K.
  TITLE     Oncogenic point mutations in exon 20 of the RB1 gene in families
            showing incomplete penetrance and mild expression of the
            retinoblastoma phenotype
  JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 89 (13), 6177-6181 (1992)
```

```
     752 SerArgIleLeuValSerIleGlyGluSerPheGlyThrSerGluLysPh 768
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2485 TCAAGAATCTTAGTATCAATTGGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTT 2534

     768 eGlnLysIleAsnGlnMetValCysAsnSerAspArgValLeuLysArgS 785
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2535 CCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAACAGCGACCGTGTGCTCAAAAGAA 2584

     785 erAlaGluGlySerAsnProProLysProLeuLysLysLeuArgPheAsp 801
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2585 GTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTTGAT 2634

     802 IleGluGlySerAspGluAlaAspGlySerLysHisLeuProGlyGluSe 818
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2635 ATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTC 2684

     [illegible]rLysPheGlnGlnLysLeuAlaGluMetThrSerThrArgThrArgMetG 835
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    [illegible]CAAATTTCAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGC 2734

     835 lnLysGlnLysMetAsnAspSerMetAspThrSerAsnLysGluGluLys 851
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2735 AAAAGCAGAAAATGAATGATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2784

seq_name: gb_pat:I81465

seq_documentation_block:
LOCUS       I81465       2994 bp    DNA             PAT       10-JUN-1998
DEFINITION  Sequence 2 from patent US 5710255.
ACCESSION   I81465
VERSION     I81465.1  GI:3209762
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 2994)
  AUTHORS   Shepard,H.Michael and Wen,S.Fen.
  TITLE     Characterization of a novel anti-p110.sup.RB monoclonal antibody
  JOURNAL   Patent: US 5710255-A 2 20-JAN-1998;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .2994
                     /organism="unknown"
BASE COUNT      974 a    618 c    593 g    809 t
ORIGIN

[illegible]t_scores:
            Quality:  850.00             Length:    850
              Ratio:  1.000                Gaps:      0
 Percent Similarity: 100.000   Percent Identity: 100.000

alignment_block:
 US-09-026-459A-33 x I81465   ..

 Align seg 1/1  to: I81465  from: 1  to: 2994

       2 GluLysValSerSerValAspGlyValLeuGlyGlyTyrIleGlnLysLy 18
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     373 GAGAAAGTTTCATCTGTGGATGGAGTATTGGGAGGTTATATTCAAAAGAA 422

      18 sLysGluLeuTrpGlyIleCysIlePheIleAlaAlaValAspLeuAspG 35
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     423 AAAGGAACTGTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATG 472

      35 luMetSerPheThrPheThrGluLeuGlnLysAsnIleGluIleSerVal 51
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     473 AGATGTCGTTCACTTTTACTGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTC 522

      52 HisLysPhePheAsnLeuLeuLysGluIleAspThrSerThrLysValAs 68
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     523 CATAAATTCTTTAACTTACTAAAAGAAATTGATACCAGTACCAAAGTTGA 572

      68 pAsnAlaMetSerArgLeuLeuLysLysTyrAspValLeuPheAlaLeuP 85
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     573 TAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATTGTTTGCACTCT 622

      85 heSerLysLeuGluArgThrCysGluLeuIleTyrLeuThrGlnProSer 101
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     623 TCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAGC 672

     102 SerSerIleSerThrGluIleAsnSerAlaLeuValLeuLysValSerTr 118
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     673 AGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTG 722

     118 pIleThrPheLeuLeuAlaLysGlyGluValLeuGlnMetGluAspAspL 135
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     723 GATCACATTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATC 772

     135 euValIleSerPheGlnLeuMetLeuCysValLeuAspTyrPheIleLys 151
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     773 TGGTGATTTCATTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAA 822

     152 LeuSerProProMetLeuLeuLysGluProTyrLysThrAlaValIlePr 168
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     823 CTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACC 872

     168 oIleAsnGlySerProArgThrProArgArgGlyGlnAsnArgSerAlaA 185
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     873 CATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAACAGGAGTGCAC 922

     185 rgIleAlaLysGlnLeuGluAsnAspThrArgIleIleGluValLeuCys 201
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     923 GGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTGT 972

     202 LysGluHisGluCysAsnIleAspGluValLysAsnValTyrPheLysAs 218
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     973 AAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAA 1022

     218 nPheIleProPheMetAsnSerLeuGlyLeuValThrSerAsnGlyLeuP 235
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1023 TTTTATACCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTC 1072

     235 roGluValGluAsnLeuSerLysArgTyrGluGluIleTyrLeuLysAsn 251
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1073 CAGAGGTTGAAAATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAAT 1122

     252 LysAspLeuAspAlaArgLeuPheLeuAspHisAspLysThrLeuGlnTh 268
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1123 AAAGATCTAGATGCAAGATTATTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGAC 1172

     268 rAspSerIleAspSerPheGluThrGlnArgThrProArgLysSerAsnL 285
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1173 TGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCACGAAAAAGTAACC 1222

     285 euAspGluGluValAsnValIleProProHisThrProValArgThrVal 301
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1223 TTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACTGTT 1272

     302 MetAsnThrIleGlnGlnLeuMetMetIleLeuAsnSerAlaSerAspGl 318
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1273 ATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCA 1322

     318 nProSerGluAsnLeuIleSerTyrPheAsnAsnCysThrValAsnProL 335
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1323 ACCTTCAGAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAA 1372

     335 ysGluSerIleLeuLysArgValLysAspIleGlyTyrIlePheLysGlu 351
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1373 AAGAAAGTATACTGAAAAGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAG 1422

     352 LysPheAlaLysAlaValGlyGlnGlyCysValGluIleGlySerGlnAr 368
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1423 AAATTTGCTAAAGCTGTGGGACAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCG 1472

     368 gTyrLysLeuGlyValArgLeuTyrTyrArgValMetGluSerMetLeuL 385
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
635 TGGTGATTTCATTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAA 684

152 LeuSerProProMetLeuLeuLysGluProTyrLysThrAlaValIlePr 168
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
685 CTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACC 734

168 oIleAsnGlySerProArgThrProArgArgGlyGlnAsnArgSerAlaA 185
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
735 CATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAACAGGAGTGCAC 784

185 rgIleAlaLysGlnLeuGluAsnAspThrArgIleIleGluValLeuCys 201
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
785 GGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTGT 834

202 LysGluHisGluCysAsnIleAspGluValLysAsnValTyrPheLysAs 218
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
835 AAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAA 884

218 nPheIleProPheMetAsnSerLeuGlyLeuValThrSerAsnGlyLeuP 235
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
885 TTTTATACCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTC 934

235 roGluValGluAsnLeuSerLysArgTyrGluGluIleTyrLeuLysAsn 251
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
935 CAGAGGTTGAAAATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAAT 984

252 LysAspLeuAspAlaArgLeuPheLeuAspHisAspLysThrLeuGlnTh 268
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
985 AAAGATCTAGATGCAAGATTATTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGAC 1034

268 rAspSerIleAspSerPheGluThrGlnArgThrProArgLysSerAsnL 285
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1035 TGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCACGAAAAAGTAACC 1084

285 euAspGluGluValAsnValIleProProHisThrProValArgThrVal 301
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1085 TTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCAGACACTCCAGTTAGGACTGTT 1134

302 MetAsnThrIleGlnGln[illegible]AsnSerAlaSerAspGl 318
    ||||||||||||||||  ||||||||||||||||||||||||||||
1135 ATGAACAC[illegible]TTCAGCAAGTGATCA 1184

319[illegible]ThrValAsnProL 335
    [illegible]TGAATCCAA 1234

[illegible]heLysGlu 351
    [illegible]AAAGAG 1284

[illegible]lnAr 368
    [illegible]CG 1334

385

384

1

4
```




```
452 TyrLysValIleGluSerPheIleLysAlaGluGlyAsnLeuThrArgGl 468
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1585 TACAAAGTGATCGAAAGTTTTATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGA 1634

468 uMetIleLysHisLeuGluArgCysGluHisArgIleMetGluSerLeuA 485
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1635 AATGATAAAACATTTAGAACGATGTGAACATCGAATCATGGAATCCCTTG 1684

485 laTrpLeuSerAspSerProLeuPheAspLeuIleLysGlnSerLysAsp 501
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1685 CATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAGGAC 1734

502 ArgGluGlyProThrAspHisLeuGluSerAlaCysProLeuAsnLeuPr 518
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1735 CGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCC 1784

518 oLeuGlnAsnAsnHisThrAlaAlaAspMetTyrLeuSerProValArgS 535
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1785 TCTCCAGAATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGAT 1834

535 erProLysLysLysGlySerThrThrArgValAsnSerThrAlaAsnAla 551
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1835 CTCCAAAGAAAAAAGGTTCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCA 1884

552 GluThrGlnAlaThrSerAlaPheGlnThrGlnLysProLeuLysSerTh 568
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1885 GAGACACAAGCAACCTCAGCCTTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTAC 1934

568 rSerLeuSerLeuPheTyrLysLysValTyrArgLeuAlaTyrLeuArgL 585
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1935 CTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGTGTATCGGCTAGCCTATCTCCGGC 1984

585 euAsnThrLeuCysGluArgLeuLeuSerGluHisProGluLeuGluHis 601
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1985 TAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAACAT 2034

602 IleIleTrpThrLeuPheGlnHisThrLeuGlnAsnGluTyrGluLeuMe 618
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2035 ATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCAT 2084

618 tArgAspArgHisLeuAspGlnIleMetMetCysSerMetTyrGlyIleC 635
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2085 GAGAGACAGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATAT 2134

635 ysLysValLysAsnIleAspLeuLysPheLysIleIleValThrAlaTyr 651
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2135 GCAAAGTGAAGAATATAGACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATAC 2184

652 LysAspLeuProHisAlaValGlnGluThrPheLysArgValLeuIleLy 668
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2185 AAGGATCTTCCTCATGCTGTTCAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAA 2234

668 sGluGluGluTyrAspSerIleIleValPheTyrAsnSerValPheMetG 685
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2235 AGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGTATTCTATAACTCGGTCTTCATGC 2284

685 lnArgLeuLysThrAsnIleLeuGlnTyrAlaSerThrArgProProThr 701
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2285 AGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCTACC 2334

702 LeuSerProIleProHisIleProArgSerProTyrLysPheProSerSe 718
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2335 TTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTC 2384

718 rProLeuArgIleProGlyGlyAsnIleTyrIleSerProLeuLysSerP 735
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2385 ACCCTTACGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTC 2434

735 roTyrLysIleSerGluGlyLeuProThrProThrLysMetThrProArg 751
    ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2435 CATATAAAATTTCAGAAGGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGA 2484
```

[redacted]ormat : pfs

[redacted]enCore software, version 4.5,
[redacted]pugen Ltd.

[redacted]V=xlp
[redacted]09026459/runat_12022000_171247_15926/app_query.fasta.1
[redacted]ap -SUFFIX=oligo.rge -GAPOP=4.500
[redacted]TCH=0.100 -LOOPCL=0.000 -LOOPEXT=0.000
[redacted]PEXT=0.050 -XGAPOP=60.000 -XGAPEXT=60.000
[redacted]GAPEXT=7.000 -YGAPOP=60.000 -YGAPEXT=60.000
[redacted]-DELEXT=7.000 -START=1 -MATRIX=oligo
[redacted]m40.cdi -LIST=45 -DOCALIGN=200 -THR_SCORE=quality
[redacted]1 -ALIGN=15 -MODE=LOCAL -OUTFMT=pfs -NORM=ext -MINLEN=0
[redacted]N=1000000 -USER=US09026459 -NCPU=6 -ICPU=3 -NO_XLPXY -WAIT
[redacted]EADS=1

Search information block:
Query: US-09-026-459A-33
Query length: 851
Database: GenEmbl:*
Database sequences: 821193
Database length: -1518192014
Search time (sec): 10867.920000

WARN: XGAPOP and YGAPOP must be equal. Assuming YGAPOP=XGAPOP=60.000
WARN: XGAPEXT and YGAPEXT must be equal. Assuming YGAPEXT=XGAPEXT=60.000

score_list:

Sequence	Strd	Orig	ZScore	EScore	Len	! Documentation ..
gb_pat:I05311	+	850.00	16117.25	0.0	4597	! I05311 Sequence 1 from Patent
gb_pat:I81465	+	850.00	16120.30	0.0	2994	! I81465 Sequence 2 from patent
gb_pr2:HUMRB1MRNA	+	850.00	16116.89	0.0	4839	! L41870 Homo sapiens retinobla
gb_pr2:HUMRBA1RA	+	850.00	16117.25	0.0	4600	! M33647 Human retinoblastoma a
gb_pr2:HUMRBSA	+	850.00	16120.30	0.0	2994	! M28419 Human retinoblastoma s
gb_pat:I18496	+	820.00	15549.34	0.0	3232	! I18496 Sequence 1 from patent
gb_pat:I18497	-	820.00	15549.34	0.0	3232	! I18497 Sequence 2 from patent
gb_pat:I09369	+	799.00	15147.55	0.0	4597	! I09369 Sequence 1 from Patent
gb_pr2:HUMRBS	+	602.00	11401.62	0.0	4740	! M15400 Human retinoblastoma s
gb_pa[redacted]A01444	+	286.00	5393.50	2.1e-292	4580	! A01444 H.sapiens DNA for 4.6 k
gb_[redacted]F043224	+	112.00	2101.99	4.6e-109	426	! AF043224 Homo sapiens retinobla
gb_p[redacted]12560	+	72.00	1324.53	9.4e-66	4591	! E12560 cDNA encoding Rb (retin
gb_ro:MUSPP105RB	+	72.00	1324.53	9.4e-66	4591	! M26391 Mouse retinoblastoma su
gb_pr1:HUMRBSY79	+	68.00	1264.54	2.1e-62	480	! M19701 Human mutated retinobla
gb_pr2:HUMRB1501V	+	66.00	1228.96	2.0e-60	340	! L49220 Homo sapiens retinoblast
gb_pat:I09384	+	65.00	1204.88	4.3e-59	693	! I09384 Sequence 17 from Patent
gb_pr1:HUMRBS15	+	65.00	1204.88	4.3e-59	693	! M27858 Human retinoblastoma sus
gb_pr1:HUMRETBLAS	+	65.00	1165.33	6.9e-57	180388	! L11910 Human retinoblastoma
gb_ro:RATRP	+	59.00	1077.60	5.3e-52	4432	! D25233 Rat mRNA for retinoblas
gb_pat:I09389	+	55.00	1012.62	2.2e-48	935	! I09389 Sequence 22 from Patent
gb_pr1:HUMRBS20	+	55.00	1012.62	2.2e-48	935	! M27863 Human retinoblastoma sus
gb_pr2:HUMRB23EX	+	55.00	1018.31	1.1e-48	420	! L41910 Homo sapiens retinoblast
gb_pr2:HUMRB4MU2	+	55.00	1016.32	1.4e-48	555	! L41904 Homo sapiens retinoblast
gb_pr2:HUMRB1777L	+	54.00	1002.92	7.7e-48	252	! L49230 Homo sapiens retinoblast
gb_ro:RATRTNBLST	+	52.00	949.81	7.0e-45	2102	! L07126 Rattus norvegicus retin
gb_pr2:HUMRB17MU2	+	51.00	940.27	2.4e-44	555	! L41924 Homo sapiens retinoblast
gb_pat:I09387	+	49.00	900.42	3.9e-42	717	! I09387 Sequence 20 from Patent
gb_pr1:HUMRBS18	+	49.00	900.42	3.9e-42	717	! L35147 Human retinoblastoma sus
gb_pr2:HUMRB1SDDL	+	49.00	908.69	1.4e-42	224	! L49225 Homo sapiens retinoblast
gb_un:M27861	+	49.00	900.42	3.9e-42	717	! M27861 Figure 2. Retinoblastoma
gb_pat:I09377	+	48.00	882.57	3.9e-41	609	! I09377 Sequence 10 from Patent
gb_pat:I09386	+	48.00	882.10	4.1e-41	650	! I09386 Sequence 19 from Patent
gb_pr1:HUMRBS08	+	48.00	882.57	3.9e-41	609	! L35146 Human retinoblastoma sus
gb_pr1:HUMRBS17	+	48.00	882.10	4.1e-41	650	! M27860 Human retinoblastoma sus
gb_pr2:HUMRB08EX	+	48.00	887.23	2.1e-41	316	! L41896 Homo sapiens retinoblast
gb_pr1:HUMRBS22	+	47.00	858.11	9.0e-40	1310	! M27865 Human retinoblastoma su
gb_pr2:HUMRB25EX	+	47.00	863.37	4.6e-40	625	! L41912 Homo sapiens retinoblast
gb_pr2:HUMRB1610K	+	43.00	794.61	3.1e-36	224	! L49223 Homo sapiens retinoblast
gb_pr2:HUMRB17MUT	+	43.00	792.14	4.2e-36	317	! L41999 Homo sapiens retinoblast
gb_pat:I09373	+	41.00	749.94	9.5e-34	570	! I09373 Sequence 6 from Paten
gb_pr1:HUMRBS04	+	41.00	749.94	9.5e-34	570	! M27848 Human retinoblastoma
gb_pr2:HUMRB04MUT	+	41.00	751.72	7.6e-34	444	! L41892 Homo sapiens retinobl
gb_pr2:HUMRB19MUT	+	41.00	751.12	8.2e-34	483	! L41906 Homo sapiens retinobl
gb_pr2:HUMRB20MUU	+	41.00	753.41	6.1e-34	350	! L41996 Homo sapiens retinobl
gb_pat:I09385	+	40.00	730.69	1.1e-32	589	! I09385 Sequence 18 from Pate

seq_name: gb_pat:I05311

seq_documentation_block:
LOCUS I05311 4597 bp PAT 02-DEC-1994
DEFINITION Sequence 1 from Patent EP 0259031.
ACCESSION I05311
VERSION I05311.1 GI:591083
KEYWORDS .
SOURCE Unknown.
ORGANISM Unknown.
Unclassified.
REFERENCE 1 (bases 1 to 4597)
AUTHORS Dryja,T.P. and Friend,S.
TITLE Human DNA in the diagnosis of retinoblastoma
JOURNAL Patent: EP 0259031-A2 1 09-MAR-1988;
FEATURES Location/Qualifiers
source 1. .4597
/organism="unknown"
BASE COUNT 1489 a 842 c 812 g 1454 t
ORIGIN

alignment_scores:
Quality: 850.00 Length: 850
Ratio: 1.000 Gaps: 0
Percent Similarity: 100.000 Percent Identity: 100.000

alignment_block:
US-09-026-459A-33 x I05311 ..

Align seg 1/1 to: I05311 from: 1 to: 4597

```
      2 GluLysValSerSerValAspGlyValLeuGlyGlyTyrIleGlnLysLy 18
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    235 GAGAAAGTTTCATCTGTGGATGGAGTATTGGGAGGTTATATTCAAAAGAA 284

     18 sLysGluLeuTrpGlyIleCysIlePheIleAlaAlaValAspLeuAspG 35
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    285 AAAGGAACTGTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATG 334

     35 luMetSerPheThrPheThrGluLeuGlnLysAsnIleGluIleSerVal 51
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    335 AGATGTCGTTCACTTTTACTGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTC 384

     52 HisLysPhePheAsnLeuLeuLysGluIleAspThrSerThrLysValAs 68
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    385 CATAAATTCTTTAACTTACTAAAAGAAATTGATACCAGTACCAAAGTTGA 434

     68 pAsnAlaMetSerArgLeuLeuLysLysTyrAspValLeuPheAlaLeuP 85
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    435 TAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATTGTTTGCACTCT 484

     85 heSerLysLeuGluArgThrCysGluLeuIleTyrLeuThrGlnProSer 101
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    485 TCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAGC 534

    102 SerSerIleSerThrGluIleAsnSerAlaLeuValLeuLysValSerTr 118
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    535 AGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTG 584

    118 pIleThrPheLeuLeuAlaLysGlyGluValLeuGlnMetGluAspAspL 135
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    585 GATCACATTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATC 634

    135 euValIleSerPheGlnLeuMetLeuCysValLeuAspTyrPheIleLys 151
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

GenCore version 4.5

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: February 13, 2000, 11:31:12 ; Search time 14294.3 Seconds
(without alignments)
-497.697 Million cell updates/sec

Title: US-09-026-459A-36_COPY_7_2349
Perfect score: 2343
Sequence: 1 ATGTCAAGACTGTTGAAGAA.....CCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2343

Scoring table: OLIGO_NUC

Searched: 821193 seqs, -1518192014 residues

Database : GenEmbl:*

Word size : 0

Number of hits that pass the threshold : 1642386

1: gb_ba1:*
2: gb_ba2:*
3: gb_om:*
4: gb_ov:*
5: gb_pat:*
6: gb_ph:*
7: gb_pl1:*
8: gb_pl2:*
9: gb_pr1:*
10: gb_pr2:*
11: gb_pr3:*
12: gb_ro:*
13: gb_sts:*
14: gb_sy:*
15: gb_un:*
16: gb_vi:*
17: em_fun:*
18: em_hum1:*
19: em_hum2:*
20: em_in:*
21: em_om:*
22: em_or:*
23: em_ov:*
24: em_pat:*
25: em_ph:*
26: em_pl:*
27: em_ro:*
28: em_sts:*
29: em_sy:*
30: em_un:*
31: em_vi:*
32: gb_htg1:*
33: gb_htg2:*
34: gb_in1:*
35: gb_in2:*
36: em_ba1:*
37: em_ba2:*
38: em_hum3:*
39: em_hum4:*
40: gb_pr4:*
41: gb_htg3:*
42: gb_htg4:*
43: gb_htg5:*
44: gb_htg6:*
45: gb_htg7:*
46: em_htg1:*
47: em_htg2:*
48: em_htg3:*
49: em_hum5:*
50: gb_pl3:*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	% Query Match	Length	DB	ID	Description
1	2343	100.0	4597	5	I05311	I05311 Sequence 1
2	2343	100.0	3232	5	I18496	I18496 Sequence 1
c 3	2343	100.0	3232	5	I18497	I18497 Sequence 2
4	2343	100.0	2994	5	I81465	I81465 Sequence 2
5	2343	100.0	4839	10	HUMRB1MRNA	L41870 Homo sapien
6	2343	100.0	4600	10	HUMRBA1RA	M33647 Human retin
7	2343	100.0	2994	10	HUMRBSA	M28419 Human retin
8	2292	97.8	4597	5	I09369	I09369 Sequence 1
9	2139	91.3	4740	10	HUMRBS	M15400 Human retin
10	1420	60.6	4580	5	A01444	A01444 H.sapiens D
11	207	8.8	480	9	HUMRBSY79	M19701 Human mutat
12	198	8.5	693	5	I09384	I09384 Sequence 17
13	198	8.5	693	9	HUMRBS15	M27858 Human retin
14	198	8.5	180388	9	HUMRETBLAS	L11910 Human retin
15	196	8.4	340	10	HUMRB1501V	L49220 Homo sapien
16	167	7.1	555	10	HUMRB4MU2	L41904 Homo sapien
17	165	7.0	935	5	I09389	I09389 Sequence 22
18	165	7.0	935	9	HUMRBS20	M27863 Human retin
19	165	7.0	420	10	HUMRB23EX	L41910 Homo sapien
20	163	7.0	252	10	HUMRB1777L	L49230 Homo sapien
21	160	6.8	426	11	AF043224	AF043224 Homo sapi
22	155	6.6	555	10	HUMRB17MU2	L41924 Homo sapien
23	148	6.3	717	5	I09387	I09387 Sequence 20
24	148	6.3	717	9	HUMRBS18	L35147 Human retin
25	148	6.3	717	15	M27861	M27861 Figure 2. R
26	147	6.3	224	10	HUMRB1SDDL	L49225 Homo sapien
27	146	6.2	650	5	I09386	I09386 Sequence 19
28	146	6.2	650	9	HUMRBS17	M27860 Human retin
29	145	6.2	609	5	I09377	I09377 Sequence 10
30	145	6.2	609	9	HUMRBS08	L35146 Human retin
31	145	6.2	316	10	HUMRB08EX	L41896 Homo sapien
32	144	6.1	1310	9	HUMRBS22	M27865 Human retin
33	144	6.1	625	10	HUMRB25EX	L41912 Homo sapien
34	132	5.6	224	10	HUMRB1610K	L49223 Homo sapien
35	131	5.6	317	10	HUMRB17MUT	L41999 Homo sapien
36	125	5.3	350	10	HUMRB20MUU	L41996 Homo sapien
37	124	5.3	483	10	HUMRB19MUT	L41906 Homo sapien
38	122	5.2	589	5	I09385	I09385 Sequence 18
39	122	5.2	589	9	HUMRBS16	M27859 Human retin
40	122	5.2	224	10	HUMRB1646F	L49224 Homo sapien
41	122	5.2	222	10	HUMRB18EX	L41905 Homo sapien
42	119	5.1	323	10	HUMRB1D18	L49221 Homo sapien
43	117	5.0	584	5	I09382	I09382 Sequence 15
44	117	5.0	584	9	HUMRBS13	M27856 Human retin
45	116	5.0	202	10	HUMRB1604E	L49222 Homo sapien

ALIGNMENTS

RESULT 1
I05311
LOCUS I05311 4597 bp PAT 02-DEC-1994
DEFINITION Sequence 1 from Patent EP 0259031.
ACCESSION I05311
VERSION I05311.1 GI:591083
KEYWORDS .
SOURCE Unknown.
ORGANISM Unknown.
Unclassified.
REFERENCE 1 (bases 1 to 4597)
AUTHORS Dryja,T.P. and Friend,S.

```
  TITLE     Human DNA in the diagnosis of retinoblastoma
  JOURNAL   Patent: EP 0259031-A2 1 09-MAR-1988;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .4597
                     /organism="unknown"
BASE COUNT     1489 a    842 c    812 g   1454 t
ORIGIN
```

Query Match 100.0%; Score 2343; DB 5; Length 4597;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 2343; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy      1 ATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGG 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    442 ATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGG 501

Qy     61 ACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    502 ACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCT 561

Qy    121 GCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACATTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAA 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    562 GCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACATTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAA 621

Qy    181 ATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    622 ATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATT 681

Qy    241 AAACTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAAT 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    682 AAACTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAAT 741

Qy    301 GGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    742 GGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTA 801

Qy    361 GAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    802 GAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAG 861

Qy    421 GTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATACCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACA 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    862 GTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATACCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACA 921

Qy    481 TCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAAAATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAA 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    922 TCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAAAATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAA 981

Qy    541 AATAAAGATCTAGATGCAAGATTATTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCT 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    982 AATAAAGATCTAGATGCAAGATTATTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCT 1041

Qy    601 ATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAAT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1042 ATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAAT 1101

Qy    661 GTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACTGTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATG 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1102 GTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACTGTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATG 1161

Qy    721 ATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCAGAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGC 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1162 ATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCAGAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGC 1221

Qy    781 ACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATACTGAAAAGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAA 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1222 ACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATACTGAAAAGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAA 1281

Qy    841 GAGAAATTTGCTAAAGCTGTGGGACAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAA 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1282 GAGAAATTTGCTAAAGCTGTGGGACAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAA 1341

Qy    901 CTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGAGTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1342 CTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGAGTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGA 1401

Qy    961 TTATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTGAATGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTG 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1402 TTATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTGAATGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTG 1461

Qy   1021 GCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACATATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGAT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1462 GCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACATATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGAT 1521

Qy   1081 TCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCATGGATTCTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGAT 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1522 TCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCATGGATTCTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGAT 1581

Qy   1141 TTTTACAAAGTGATCGAAAGTTTTATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1582 TTTTACAAAGTGATCGAAAGTTTTATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATA 1641

Qy   1201 AAACATTTAGAACGATGTGAACATCGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1642 AAACATTTAGAACGATGTGAACATCGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCA 1701

Qy   1261 CCTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAGGACCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAA 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1702 CCTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAGGACCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAA 1761

Qy   1321 TCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAGAATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTT 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1762 TCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAGAATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTT 1821

Qy   1381 TCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAAAAAGGTTCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAAT 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1822 TCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAAAAAGGTTCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAAT 1881

Qy   1441 GCAGAGACACAAGCAACCTCAGCCTTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTT 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1882 GCAGAGACACAAGCAACCTCAGCCTTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTT 1941

Qy   1501 TCACTGTTTTATAAAAAAGTGTATCGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAA 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1942 TCACTGTTTTATAAAAAAGTGTATCGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAA 2001

Qy   1561 CGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAACATATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2002 CGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAACATATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACC 2061

Qy   1621 CTGCAGAATGAGTATGAACTCATGAGAGACAGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCC 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2062 CTGCAGAATGAGTATGAACTCATGAGAGACAGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCC 2121

Qy   1681 ATGTATGGCATATGCAAAGTGAAGAATATAGACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCA 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2122 ATGTATGGCATATGCAAAGTGAAGAATATAGACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCA 2181

Qy   1741 TACAAGGATCTTCCTCATGCTGTTCAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAG 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2182 TACAAGGATCTTCCTCATGCTGTTCAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAG 2241

Qy   1801 GAGTATGATTCTATTATAGTATTCTATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAAT 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2242 GAGTATGATTCTATTATAGTATTCTATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAAT 2301

Qy   1861 ATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCTACCTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2302 ATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCTACCTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGA 2361

Qy   1921 AGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTACGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCA 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2362 AGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTACGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCA 2421

Qy   1981 CCCCTGAAGAGTCCATATAAAATTTCAGAAGGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCA 2040
```

```
Db   2422 CCCCTGAAGAGTCCATATAAAATTTCAGAAGGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCA 2481

Qy   2041 AGATCAAGAATCTTAGTATCAATTGGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAA 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2482 AGATCAAGAATCTTAGTATCAATTGGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAA 2541

Qy   2101 ATAAATCAGATGGTATGTAACAGCGACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAAC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2542 ATAAATCAGATGGTATGTAACAGCGACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAAC 2601

Qy   2161 CCTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTTGATATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2602 CCTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTTGATATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGA 2661

Qy   2221 AGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTTCAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACT 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2662 AGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTTCAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACT 2721

Qy   2281 CGAACACGAATGCAAAAGCAGAAAATGAATGATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAG 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2722 CGAACACGAATGCAAAAGCAGAAAATGAATGATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAG 2781

Qy   2341 AAA 2343
          |||
Db   2782 AAA 2784


RESULT   2
I18496
LOCUS       I18496       3232 bp    DNA             PAT       07-OCT-1996
DEFINITION  Sequence 1 from patent US 5496731.
ACCESSION   I18496
VERSION     I18496.1  GI:1598851
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3232)
  AUTHORS   Xu,H., Hu,S. and Benedict,W.F.
  TITLE     Broad-spectrum tumor suppressor genes, gene products and methods
            for tumor suppressor gene therapy
  JOURNAL   Patent: US 5496731-A 1 05-MAR-1996;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .3232
                     /organism="unknown"
BASE COUNT     1086 a    597 c    566 g    983 t
ORIGIN


  Query Match           100.0%;  Score 2343;  DB 5;  Length 3232;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 2343;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      1 ATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGG 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    124 ATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGG 183

Qy     61 ACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    184 ACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCT 243

Qy    121 GCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACATTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAA 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    244 GCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACATTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAA 303

Qy    181 ATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    304 ATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATT 363

Qy    241 AAACTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAAT 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    364 AAACTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAAT 423

Qy    301 GGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    424 GGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTA 483

Qy    361 GAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    484 GAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAG 543

Qy    421 GTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATACCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACA 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    544 GTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATACCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACA 603

Qy    481 TCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAAAATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAA 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    604 TCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAAAATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAA 663

Qy    541 AATAAAGATCTAGATGCAAGATTATTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCT 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    664 AATAAAGATCTAGATGCAAGATTATTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCT 723

Qy    601 ATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAAT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    724 ATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAAT 783

Qy    661 GTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACTGTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATG 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    784 GTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACTGTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATG 843

Qy    721 ATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCAGAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGC 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    844 ATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCAGAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGC 903

Qy    781 ACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATACTGAAAAGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAA 840
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    904 ACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATACTGAAAAGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAA 963

Qy    841 GAGAAATTTGCTAAAGCTGTGGGACAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAA 900
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    964 GAGAAATTTGCTAAAGCTGTGGGACAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAA 1023

Qy    901 CTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGAGTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGA 960
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1024 CTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGAGTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGA 1083

Qy    961 TTATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTGAATGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTG 1020
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1084 TTATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTGAATGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTG 1143

Qy   1021 GCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACATATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGAT 1080
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1144 GCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACATATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGAT 1203

Qy   1081 TCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCATGGATTCTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGAT 1140
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1204 TCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCATGGATTCTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGAT 1263

Qy   1141 TTTTACAAAGTGATCGAAAGTTTTATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATA 1200
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1264 TTTTACAAAGTGATCGAAAGTTTTATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATA 1323

Qy   1201 AAACATTTAGAACGATGTGAACATCGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCA 1260
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1324 AAACATTTAGAACGATGTGAACATCGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCA 1383

Qy   1261 CCTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAGGACCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAA 1320
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1384 CCTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAGGACCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAA 1443

Qy   1321 TCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAGAATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTT 1380
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1444 TCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAGAATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTT 1503
```

```
Qy   1381 TCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAAAAAGGTTCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAAT 1440
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1504 TCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAAAAAGGTTCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAAT 1563

Qy   1441 GCAGAGACACAAGCAACCTCAGCCTTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTT 1500
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1564 GCAGAGACACAAGCAACCTCAGCCTTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTT 1623

Qy   1501 TCACTGTTTTATAAAAAAGTGTATCGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAA 1560
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1624 TCACTGTTTTATAAAAAAGTGTATCGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAA 1683

Qy   1561 CGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAACATATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACC 1620
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1684 CGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAACATATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACC 1743

Qy   1621 CTGCAGAATGAGTATGAACTCATGAGAGACAGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCC 1680
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1744 CTGCAGAATGAGTATGAACTCATGAGAGACAGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCC 1803

Qy   1681 ATGTATGGCATATGCAAAGTGAAGAATATAGACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCA 1740
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1804 ATGTATGGCATATGCAAAGTGAAGAATATAGACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCA 1863

Qy   1741 TACAAGGATCTTCCTCATGCTGTTCAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAG 1800
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1864 TACAAGGATCTTCCTCATGCTGTTCAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAG 1923

Qy   1801 GAGTATGATTCTATTATAGTATTCTATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAAT 1860
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1924 GAGTATGATTCTATTATAGTATTCTATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAAT 1983

Qy   1861 ATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCTACCTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGA 1920
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1984 ATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCTACCTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGA 2043

Qy   1921 AGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTACGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCA 1980
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2044 AGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTACGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCA 2103

Qy   1981 CCCCTGAAGAGTCCATATAAAATTTCAGAAGGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCA 2040
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2104 CCCCTGAAGAGTCCATATAAAATTTCAGAAGGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCA 2163

Qy   2041 AGATCAAGAATCTTAGTATCAATTGGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAA 2100
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2164 AGATCAAGAATCTTAGTATCAATTGGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAA 2223

Qy   2101 ATAAATCAGATGGTATGTAACAGCGACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAAC 2160
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2224 ATAAATCAGATGGTATGTAACAGCGACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAAC 2283

Qy   2161 CCTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTTGATATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGA 2220
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2284 CCTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTTGATATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGA 2343

Qy   2221 AGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTTCAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACT 2280
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2344 AGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTTCAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACT 2403

Qy   2281 CGAACACGAATGCAAAAGCAGAAAATGAATGATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAG 2340
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2404 CGAACACGAATGCAAAAGCAGAAAATGAATGATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAG 2463

Qy   2341 AAA 2343
          |||
Db   2464 AAA 2466
```

```
RESULT   3
I18497/c
LOCUS       I18497       3232 bp    DNA             PAT       07-OCT-1996
DEFINITION  Sequence 2 from patent US 5496731.
ACCESSION   I18497
VERSION     I18497.1  GI:1598852
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3232)
  AUTHORS   Xu,H., Hu,S. and Benedict,W.F.
  TITLE     Broad-spectrum tumor suppressor genes, gene products and methods
            for tumor suppressor gene therapy
  JOURNAL   Patent: US 5496731-A 2 05-MAR-1996;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .3232
                     /organism="unknown"
BASE COUNT      983 a    566 c    597 g   1086 t
ORIGIN
```

Query Match 100.0%; Score 2343; DB 5; Length 3232;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 0;
Matches 2343; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```
Qy      1 ATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGG 60
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3113 ATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGG 3054

Qy     61 ACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCT 120
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   3053 ACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCT 2994

Qy    121 GCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACATTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAA 180
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2993 GCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACATTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAA 2934

Qy    181 ATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATT 240
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2933 ATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATT 2874

Qy    241 AAACTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAAT 300
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2873 AAACTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAAT 2814

Qy    301 GGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTA 360
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2813 GGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTA 2754

Qy    361 GAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAG 420
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2753 GAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAG 2694

Qy    421 GTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATACCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACA 480
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2693 GTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATACCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACA 2634

Qy    481 TCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAAAATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAA 540
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2633 TCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAAAATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAA 2574

Qy    541 AATAAAGATCTAGATGCAAGATTATTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCT 600
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2573 AATAAAGATCTAGATGCAAGATTATTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCT 2514

Qy    601 ATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAAT 660
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2513 ATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAAT 2454

Qy    661 GTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACTGTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATG 720
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2453 GTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACTGTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATG 2394

Qy    721 ATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCAGAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGC 780
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2393 ATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCAGAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGC 2334
```

OM of: US-09-026-459A-37 to: GenEmbl:* out_format : pfs

Date: Feb 13, 2000 8:12 PM

About: Results were produced by the GenCore software, version 4.5,
Copyright (c) 1993-1998 Compugen Ltd.

Command line parameters:
-MODEL=frame+_p2n.model -DEV=xlp
-Q=/cgn2_1/USPTO_spool/US09026459/runat_12022000_171247_15926/app_query.fasta.1
-DB=GenEmbl -QFMT=fastap -SUFFIX=oligo.rge -GAPOP=4.500
-GAPEXT=0.050 -MINMATCH=0.100 -LOOPCL=0.000 -LOOPEXT=0.000
-QGAPOP=4.500 -QGAPEXT=0.050 -XGAPOP=60.000 -XGAPEXT=60.000
-FGAPOP=6.000 -FGAPEXT=7.000 -YGAPOP=60.000 -YGAPEXT=60.000
-DELOP=6.000 -DELEXT=7.000 -START=1 -MATRIX=oligo
-TRANS=human40.cdi -LIST=45 -DOCALIGN=200 -THR_SCORE=quality
-TH[redacted]IN=1 -ALIGN=15 -MODE=LOCAL -OUTFMT=pfs -NORM=ext -MINLEN=0
-M[redacted]=1000000 -USER=US09026459 -NCPU=6 -ICPU=3 -NO_XLPXY -WAIT
-TH[redacted]DS=1

Search information block:
Query: US-09-026-459A-37
Query length: 781
Database: GenEmbl:*
Database sequences: 821193
Database length: -1518192014
Search time (sec): 10867.920000

WARN: XGAPOP and YGAPOP must be equal. Assuming YGAPOP=XGAPOP=60.000
WARN: XGAPEXT and YGAPEXT must be equal. Assuming YGAPEXT=XGAPEXT=60.000

score_list:

Sequence	Strd	Orig	ZScore	EScore	Len	! Documentation ..
gb_pat:I05311	+	781.00	14786.27	0.0	4597	! I05311 Sequence 1 from Patent
gb_pat:I18496	+	781.00	14788.76	0.0	3232	! I18496 Sequence 1 from patent
gb_pat:I18497	-	781.00	14788.76	0.0	3232	! I18497 Sequence 2 from patent
gb_pat:I81465	+	781.00	14789.30	0.0	2994	! I81465 Sequence 2 from patent
gb_pr2:HUMRB1MRNA	+	781.00	14785.90	0.0	4839	! L41870 Homo sapiens retinobla
gb_pr2:HUMRBA1RA	+	781.00	14786.26	0.0	4600	! M33647 Human retinoblastoma a
gb_pr2:HUMRBSA	+	781.00	14789.30	0.0	2994	! M28419 Human retinoblastoma s
gb_pat:I09369	+	730.00	13817.84	0.0	4597	! I09369 Sequence 1 from Patent
gb_pr2:HUMRBS	+	579.00	10950.34	0.0	4740	! M15400 Human retinoblastoma s
gb_pat:A01444	+	286.00	5386.89	5.0e-292	4580	! A01444 H.sapiens DNA for 4.6 k
gb_p[redacted]12560	+	72.00	1323.30	1.1e-65	4591	! E12560 cDNA encoding Rb (retin
gb_r[redacted]PP105RB	+	72.00	1323.30	1.1e-65	4591	! M26391 Mouse retinoblastoma su
gb_pr[redacted]UMRBSY79	+	68.00	1263.32	2.4e-62	480	! M19701 Human mutated retinoblas
gb_pr2:HUMRB1501V	+	66.00	1227.78	2.3e-60	340	! L49220 Homo sapiens retinoblast
gb_pat:I09384	+	65.00	1203.75	5.0e-59	693	! I09384 Sequence 17 from Patent
gb_pr1:HUMRBS15	+	65.00	1203.75	5.0e-59	693	! M27858 Human retinoblastoma sus
gb_pr1:HUMRETBLAS	+	65.00	1164.41	7.8e-57	180388	! L11910 Human retinoblastoma
gb_ro:RATRP	+	59.00	1076.70	6.0e-52	4432	! D25233 Rat mRNA for retinoblas
gb_pat:I09389	+	55.00	1011.75	2.5e-48	935	! I09389 Sequence 22 from Patent
gb_pr1:HUMRBS20	+	55.00	1011.75	2.5e-48	935	! M27863 Human retinoblastoma sus
gb_pr2:HUMRB23EX	+	55.00	1017.41	1.2e-48	420	! L41910 Homo sapiens retinoblast
gb_pr2:HUMRB4MU2	+	55.00	1015.44	1.5e-48	555	! L41904 Homo sapiens retinoblast
gb_pr2:HUMRB1777L	+	54.00	1002.03	8.6e-48	252	! L49230 Homo sapiens retinoblast
gb_pr3:AF043224	+	53.00	979.33	1.6e-46	426	! AF043224 Homo sapiens retinobla
gb_ro:RATRTNBLST	+	52.00	949.05	7.7e-45	2102	! L07126 Rattus norvegicus retin
gb_pr2:HUMRB17MU2	+	51.00	939.48	2.6e-44	555	! L41924 Homo sapiens retinoblast
gb_pat:I09387	+	49.00	899.69	4.3e-42	717	! I09387 Sequence 20 from Patent
gb_pr1:HUMRBS18	+	49.00	899.69	4.3e-42	717	! L35147 Human retinoblastoma sus
gb_pr2:HUMRB1SDDL	+	49.00	907.92	1.5e-42	224	! L49225 Homo sapiens retinoblast
gb_un:M27861	+	49.00	899.69	4.3e-42	717	! M27861 Figure 2. Retinoblastoma
gb_pat:I09377	+	48.00	881.86	4.3e-41	609	! I09377 Sequence 10 from Patent
gb_pat:I09386	+	48.00	881.40	4.5e-41	650	! I09386 Sequence 19 from Patent
gb_pr1:HUMRBS08	+	48.00	881.86	4.3e-41	609	! L35146 Human retinoblastoma sus
gb_pr1:HUMRBS17	+	48.00	881.40	4.5e-41	650	! M27860 Human retinoblastoma sus
gb_pr2:HUMRB08EX	+	48.00	886.50	2.3e-41	316	! L41896 Homo sapiens retinoblast
gb_pr1:HUMRBS22	+	47.00	857.45	9.7e-40	1310	! M27865 Human retinoblastoma su
gb_pr2:HUMRB25EX	+	47.00	862.69	5.0e-40	625	! L41912 Homo sapiens retinoblast
gb_pr2:HUMRB1610K	+	43.00	793.99	3.3e-36	224	! L49223 Homo sapiens retinoblast
gb_pr2:HUMRB17MUT	+	43.00	791.54	4.6e-36	317	! L41999 Homo sapiens retinoblast
gb_pr2:HUMRB19MUT	+	41.00	750.58	8.7e-34	483	! L41906 Homo sapiens retinobl
gb_pr2:HUMRB20MUU	+	41.00	752.86	6.5e-34	350	! L41996 Homo sapiens retinobl
gb_pat:I09385	+	40.00	730.19	1.2e-32	589	! I09385 Sequence 18 from Pate
gb_pr1:HUMRBS16	+	40.00	730.19	1.2e-32	589	! M27859 Human retinoblastoma
gb_pr2:HUMRB1646F	+	40.00	737.03	5.0e-33	224	! L49224 Homo sapiens retinobl
gb_pr2:HUMRB18EX	+	40.00	737.09	4.9e-33	222	! L41905 Homo sapiens retinobl

seq_name: gb_pat:I05311

seq_documentation_block:
LOCUS I05311 4597 bp PAT 02-DEC-1994
DEFINITION Sequence 1 from Patent EP 0259031.
ACCESSION I05311
VERSION I05311.1 GI:591083
KEYWORDS .
SOURCE Unknown.
ORGANISM Unknown.
Unclassified.
REFERENCE 1 (bases 1 to 4597)
AUTHORS Dryja,T.P. and Friend,S.
TITLE Human DNA in the diagnosis of retinoblastoma
JOURNAL Patent: EP 0259031-A2 1 09-MAR-1988;
FEATURES Location/Qualifiers
source 1. .4597
/organism="unknown"
BASE COUNT 1489 a 842 c 812 g 1454 t
ORIGIN

alignment_scores:
Quality: 781.00 Length: 781
Ratio: 1.000 Gaps: 0
Percent Similarity: 100.000 Percent Identity: 100.000

alignment_block:
US-09-026-459A-37 x I05311 ..

Align seg 1/1 to: I05311 from: 1 to: 4597

```
      1 MetSerArgLeuLeuLysLysTyrAspValLeuPheAlaLeuPheSerLy 17
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    442 ATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAA 491

     17 sLeuGluArgThrCysGluLeuIleTyrLeuThrGlnProSerSerSerI 34
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    492 ATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAGCAGTTCGA 541

     34 leSerThrGluIleAsnSerAlaLeuValLeuLysValSerTrpIleThr 50
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    542 TATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACA 591

     51 PheLeuLeuAlaLysGlyGluValLeuGlnMetGluAspAspLeuValIl 67
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    592 TTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGAT 641

     67 eSerPheGlnLeuMetLeuCysValLeuAspTyrPheIleLysLeuSerP 84
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    642 TTCATTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCAC 691

     84 roProMetLeuLeuLysGluProTyrLysThrAlaValIleProIleAsn 100
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    692 CTCCCATGTTGCTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAAT 741

    101 GlySerProArgThrProArgArgGlyGlnAsnArgSerAlaArgIleAl 117
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    742 GGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGC 791

    117 aLysGlnLeuGluAsnAspThrArgIleIleGluValLeuCysLysGluH 134
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    792 AAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTGTAAAGAAC 841

    134 isGluCysAsnIleAspGluValLysAsnValTyrPheLysAsnPheIle 150
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
 842 ATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATA 891

 151 ProPheMetAsnSerLeuGlyLeuValThrSerAsnGlyLeuProGluVa 167
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 892 CCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGT 941

 167 lGluAsnLeuSerLysArgTyrGluGluIleTyrLeuLysAsnLysAspL 184
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 942 TGAAAATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATC 991

 184 euAspAlaArgLeuPheLeuAspHisAspLysThrLeuGlnThrAspSer 200
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 992 TAGATGCAAGATTATTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCT 1041

 201 IleAspSerPheGluThrGlnArgThrProArgLysSerAsnLeuAspGl 217
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1042 ATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGA 1091

 217 uGluValAsnValIleProProHisThrProValArgThrValMetAsnT 234
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     AGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACTGTTATGAACA 1141

 234 hrIleGlnGlnLeuMetMetIleLeuAsnSerAlaSerAspGlnProSer 250
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1142 CTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCA 1191

 251 GluAsnLeuIleSerTyrPheAsnAsnCysThrValAsnProLysGluSe 267
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1192 GAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAG 1241

 267 rIleLeuLysArgValLysAspIleGlyTyrIlePheLysGluLysPheA 284
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1242 TATACTGAAAAGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTG 1291

 284 laLysAlaValGlyGlnGlyCysValGluIleGlySerGlnArgTyrLys 300
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1292 CTAAAGCTGTGGGACAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAA 1341

 301 LeuGlyValArgLeuTyrTyrArgValMetGluSerMetLeuLysSerGl 317
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1342 CTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGAGTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGA 1391

 317 uGluGluArgLeuSerIleGlnAsnPheSerLysLeuLeuAsnAspAsnI 334
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1392 AGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTGAATGACAACA 1441

 334 lePheHisMetSerLeuLeuAlaCysAlaLeuGluValValMetAlaThr 350
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1442 TTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACA 1491

 351 TyrSerArgSerThrSerGlnAsnLeuAspSerGlyThrAspLeuSerPh 367
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1492 TATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTT 1541

 367 eProTrpIleLeuAsnValLeuAsnLeuLysAlaPheAspPheTyrLysV 384
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1542 CCCATGGATTCTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAG 1591

 384 alIleGluSerPheIleLysAlaGluGlyAsnLeuThrArgGluMetIle 400
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1592 TGATCGAAAGTTTTATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATA 1641

 401 LysHisLeuGluArgCysGluHisArgIleMetGluSerLeuAlaTrpLe 417
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1642 AAACATTTAGAACGATGTGAACATCGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCT 1691

 417 uSerAspSerProLeuPheAspLeuIleLysGlnSerLysAspArgGluG 434
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1692 CTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAGGACCGAGAAG 1741

 434 lyProThrAspHisLeuGluSerAlaCysProLeuAsnLeuProLeuGln 450
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1742 GACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAG 1791

 451 AsnAsnHisThrAlaAlaAspMetTyrLeuSerProValArgSerProLy 467
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1792 AATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAA 1841

 467 sLysLysGlySerThrThrArgValAsnSerThrAlaAsnAlaGluThrG 484
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1842 GAAAAAAGGTTCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACAC 1891

 484 lnAlaThrSerAlaPheGlnThrGlnLysProLeuLysSerThrSerLeu 500
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1892 AAGCAACCTCAGCCTTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTT 1941

 501 SerLeuPheTyrLysLysValTyrArgLeuAlaTyrLeuArgLeuAsnTh 517
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1942 TCACTGTTTTATAAAAAAGTGTATCGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATAC 1991

 517 rLeuCysGluArgLeuLeuSerGluHisProGluLeuGluHisIleIleT 534
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1992 ACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAACATATCATCT 2041

 534 rpThrLeuPheGlnHisThrLeuGlnAsnGluTyrGluLeuMetArgAsp 550
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2042 GGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCATGAGAGAC 2091

 551 ArgHisLeuAspGlnIleMetMetCysSerMetTyrGlyIleCysLysVa 567
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2092 AGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGT 2141

 567 lLysAsnIleAspLeuLysPheLysIleIleValThrAlaTyrLysAspL 584
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2142 GAAGAATATAGACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATC 2191

 584 euProHisAlaValGlnGluThrPheLysArgValLeuIleLysGluGlu 600
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2192 TTCCTCATGCTGTTCAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAG 2241

 601 GluTyrAspSerIleIleValPheTyrAsnSerValPheMetGlnArgLe 617
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2242 GAGTATGATTCTATTATAGTATTCTATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACT 2291

 617 uLysThrAsnIleLeuGlnTyrAlaSerThrArgProProThrLeuSerP 634
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2292 GAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCTACCTTGTCAC 2341

 634 roIleProHisIleProArgSerProTyrLysPheProSerSerProLeu 650
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2342 CAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTA 2391

 651 ArgIleProGlyGlyAsnIleTyrIleSerProLeuLysSerProTyrLy 667
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2392 CGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAA 2441

 667 sIleSerGluGlyLeuProThrProThrLysMetThrProArgSerArgI 684
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2442 AATTTCAGAAGGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAA 2491

 684 leLeuValSerIleGlyGluSerPheGlyThrSerGluLysPheGlnLys 700
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2492 TCTTAGTATCAATTGGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAA 2541

 701 IleAsnGlnMetValCysAsnSerAspArgValLeuLysArgSerAlaGl 717
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2542 ATAAATCAGATGGTATGTAACAGCGACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGA 2591

 717 uGlySerAsnProProLysProLeuLysLysLeuArgPheAspIleGluG 734
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2592 AGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTTGATATTGAAG 2641

 734 lySerAspGluAlaAspGlySerLysHisLeuProGlyGluSerLysPhe 750
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2642 GATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTT 2691
```

```
     751 GlnGlnLysLeuAlaGluMetThrSerThrArgThrArgMetGlnLysGl 767
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2692 CAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCA 2741

     767 nLysMetAsnAspSerMetAspThrSerAsnLysGluGluLys 781
         |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2742 GAAAATGAATGATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2784

seq_name: gb_pat:I18496

seq_documentation_block:
LOCUS       I18496       3232 bp    DNA             PAT    •   07-OCT-1996
DEFINITION  Sequence 1 from patent US 5496731.
ACCESSION   I18496
VERSION     I18496.1  GI:1598851
KEYWORDS    .
SOU[redacted]      Unknown.
  O[redacted]ISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3232)
  AUTHORS   Xu,H., Hu,S. and Benedict,W.F.
  TITLE     Broad-spectrum tumor suppressor genes, gene products and methods
            for tumor suppressor gene therapy
  JOURNAL   Patent: US 5496731-A 1 05-MAR-1996;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .3232
                     /organism="unknown"
BASE COUNT     1086 a    597 c    566 g    983 t
ORIGIN


alignment_scores:
           Quality:  781.00            Length:    781
             Ratio:  1.000               Gaps:      0
 Percent Similarity: 100.000   Percent Identity: 100.000

alignment_block:
 US-09-026-459A-37 x I18496    ..

 Align seg 1/1  to: I18496  from: 1  to: 3232

       1 MetSerArgLeuLeuLysLysTyrAspValLeuPheAlaLeuPheSerLy 17
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     124 ATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAA 173

         sLeuGluArgThrCysGluLeuIleTyrLeuThrGlnProSerSerSerI 34
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     174 ATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAGCAGTTCGA 223

      34 leSerThrGluIleAsnSerAlaLeuValLeuLysValSerTrpIleThr 50
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     224 TATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACA 273

      51 PheLeuLeuAlaLysGlyGluValLeuGlnMetGluAspAspLeuValIl 67
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     274 TTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGAT 323

      67 eSerPheGlnLeuMetLeuCysValLeuAspTyrPheIleLysLeuSerP 84
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     324 TTCATTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCAC 373

      84 roProMetLeuLeuLysGluProTyrLysThrAlaValIleProIleAsn 100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     374 CTCCCATGTTGCTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAAT 423

     101 GlySerProArgThrProArgArgGlyGlnAsnArgSerAlaArgIleAl 117
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     424 GGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGC 473

     117 aLysGlnLeuGluAsnAspThrArgIleIleGluValLeuCysLysGluH 134
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     474 AAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTGTAAAGAAC 523

     134 isGluCysAsnIleAspGluValLysAsnValTyrPheLysAsnPheIle 150
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     524 ATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATA 573

     151 ProPheMetAsnSerLeuGlyLeuValThrSerAsnGlyLeuProGluVa 167
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     574 CCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGT 623

     167 lGluAsnLeuSerLysArgTyrGluGluIleTyrLeuLysAsnLysAspL 184
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     624 TGAAAATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATC 673

     184 euAspAlaArgLeuPheLeuAspHisAspLysThrLeuGlnThrAspSer 200
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     674 TAGATGCAAGATTATTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCT 723

     201 IleAspSerPheGluThrGlnArgThrProArgLysSerAsnLeuAspGl 217
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     724 ATAGACAGTTTTGAAACACAGAGAACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGA 773

     217 uGluValAsnValIleProProHisThrProValArgThrValMetAsnT 234
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     774 AGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACTGTTATGAACA 823

     234 hrIleGlnGlnLeuMetMetIleLeuAsnSerAlaSerAspGlnProSer 250
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     824 CTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCA 873

     251 GluAsnLeuIleSerTyrPheAsnAsnCysThrValAsnProLysGluSe 267
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     874 GAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAG 923

     267 rIleLeuLysArgValLysAspIleGlyTyrIlePheLysGluLysPheA 284
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     924 TATACTGAAAAGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTG 973

     284 laLysAlaValGlyGlnGlyCysValGluIleGlySerGlnArgTyrLys 300
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     974 CTAAAGCTGTGGGACAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAA 1023

     301 LeuGlyValArgLeuTyrTyrArgValMetGluSerMetLeuLysSerGl 317
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1024 CTTGGAGTTCGCTTGTATTACCGAGTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGA 1073

     317 uGluGluArgLeuSerIleGlnAsnPheSerLysLeuLeuAsnAspAsnI 334
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1074 AGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTGAATGACAACA 1123

     334 lePheHisMetSerLeuLeuAlaCysAlaLeuGluValValMetAlaThr 350
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1124 TTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACA 1173

     351 TyrSerArgSerThrSerGlnAsnLeuAspSerGlyThrAspLeuSerPh 367
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1174 TATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTT 1223

     367 eProTrpIleLeuAsnValLeuAsnLeuLysAlaPheAspPheTyrLysV 384
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1224 CCCATGGATTCTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAG 1273

     384 alIleGluSerPheIleLysAlaGluGlyAsnLeuThrArgGluMetIle 400
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1274 TGATCGAAAGTTTTATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATA 1323

     401 LysHisLeuGluArgCysGluHisArgIleMetGluSerLeuAlaTrpLe 417
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1324 AAACATTTAGAACGATGTGAACATCGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCT 1373

     417 uSerAspSerProLeuPheAspLeuIleLysGlnSerLysAspArgGluG 434
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    1374 CTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAGGACCGAGAAG 1423

     434 lyProThrAspHisLeuGluSerAlaCysProLeuAsnLeuProLeuGln 450
```

```
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1424 GACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAG 1473

 451 AsnAsnHisThrAlaAlaAspMetTyrLeuSerProValArgSerProLy 467
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1474 AATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAA 1523

 467 sLysLysGlySerThrThrArgValAsnSerThrAlaAsnAlaGluThrG 484
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1524 GAAAAAAGGTTCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACAC 1573

 484 lnAlaThrSerAlaPheGlnThrGlnLysProLeuLysSerThrSerLeu 500
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1574 AAGCAACCTCAGCCTTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTT 1623

 501 SerLeuPheTyrLysLysValTyrArgLeuAlaTyrLeuArgLeuAsnTh 517
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1624 TCACTGTTTTATAAAAAAGTGTATCGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATAC 1673

 517 rLeuCysGluArgLeuLeuSerGluHisProGluLeuGluHisIleIleT 534
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1674 ACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAACATATCATCT 1723

 534 rpThrLeuPheGlnHisThrLeuGlnAsnGluTyrGluLeuMetArgAsp 550
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1724 GGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCATGAGAGAC 1773

 551 ArgHisLeuAspGlnIleMetMetCysSerMetTyrGlyIleCysLysVa 567
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1774 AGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGT 1823

 567 lLysAsnIleAspLeuLysPheLysIleIleValThrAlaTyrLysAspL 584
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1824 GAAGAATATAGACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATC 1873

 584 euProHisAlaValGlnGluThrPheLysArgValLeuIleLysGluGlu 600
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1874 TTCCTCATGCTGTTCAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAG 1923

 601 GluTyrAspSerIleIleValPheTyrAsnSerValPheMetGlnArgLe 617
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1924 GAGTATGATTCTATTATAGTATTCTATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACT 1973

 617 uLysThrAsnIleLeuGlnTyrAlaSerThrArgProProThrLeuSerP 634
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1974 GAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCTACCTTGTCAC 2023

 634 roIleProHisIleProArgSerProTyrLysPheProSerSerProLeu 650
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2024 CAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTA 2073

 651 ArgIleProGlyGlyAsnIleTyrIleSerProLeuLysSerProTyrLy 667
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2074 CGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAA 2123

 667 sIleSerGluGlyLeuProThrProThrLysMetThrProArgSerArgI 684
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2124 AATTTCAGAAGGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAA 2173

 684 leLeuValSerIleGlyGluSerPheGlyThrSerGluLysPheGlnLys 700
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2174 TCTTAGTATCAATTGGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAA 2223

 701 IleAsnGlnMetValCysAsnSerAspArgValLeuLysArgSerAlaGl 717
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2224 ATAAATCAGATGGTATGTAACAGCGACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGA 2273

 717 uGlySerAsnProProLysProLeuLysLysLeuArgPheAspIleGluG 734
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2274 AGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTTGATATTGAAG 2323

 734 lySerAspGluAlaAspGlySerLysHisLeuProGlyGluSerLysPhe 750
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
2324 GATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTT 2373

 751 GlnGlnLysLeuAlaGluMetThrSerThrArgThrArgMetGlnLysGl 767
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2374 CAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCA 2423

 767 nLysMetAsnAspSerMetAspThrSerAsnLysGluGluLys 781
     |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2424 GAAAATGAATGATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2466
```

```
seq_name: gb_pat:I18497

seq_documentation_block:
LOCUS       I18497       3232 bp    DNA             PAT       07-OCT-1996
DEFINITION  Sequence 2 from patent US 5496731.
ACCESSION   I18497
VERSION     I18497.1  GI:1598852
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 3232)
  AUTHORS   Xu,H., Hu,S. and Benedict,W.F.
  TITLE     Broad-spectrum tumor suppressor genes, gene products and methods
            for tumor suppressor gene therapy
  JOURNAL   Patent: US 5496731-A 2 05-MAR-1996;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .3232
                     /organism="unknown"
BASE COUNT      983 a    566 c    597 g   1086 t
ORIGIN


alignment_scores:
            Quality:  781.00            Length:    781
              Ratio:  1.000               Gaps:      0
 Percent Similarity: 100.000   Percent Identity: 100.000

alignment_block:
 US-09-026-459A-37 x I18497/rev   ..

 Align seg 1/1  to reverse of: I18497  from: 1  to: 3232

       1 MetSerArgLeuLeuLysLysTyrAspValLeuPheAlaLeuPheSerLy 17
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    3113 ATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAA 3064

      17 sLeuGluArgThrCysGluLeuIleTyrLeuThrGlnProSerSerSerI 34
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    3063 ATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAGCAGTTCGA 3014

      34 leSerThrGluIleAsnSerAlaLeuValLeuLysValSerTrpIleThr 50
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    3013 TATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACA 2964

      51 PheLeuLeuAlaLysGlyGluValLeuGlnMetGluAspAspLeuValIl 67
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2963 TTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGAT 2914

      67 eSerPheGlnLeuMetLeuCysValLeuAspTyrPheIleLysLeuSerP 84
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2913 TTCATTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCAC 2864

      84 roProMetLeuLeuLysGluProTyrLysThrAlaValIleProIleAsn 100
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2863 CTCCCATGTTGCTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAAT 2814

     101 GlySerProArgThrProArgArgGlyGlnAsnArgSerAlaArgIleAl 117
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
    2813 GGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGC 2764

     117 aLysGlnLeuGluAsnAspThrArgIleIleGluValLeuCysLysGluH 134
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```

```
     mutation        1104
                     /gene="RB1"
                     /note="Tumor GOS563 unilateral mutation causing premature
                     stop; G00-118-734"
                     /citation=[5]
                     /replace="t"
     exon            1187. .1264
                     /gene="RB1"
                     /note="G00-118-734"
                     /number=11
     mutation        1209
                     /gene="RB1"
                     /note="Tumor GOS159 unilateral mutation causing a
                     premature stop; G00-118-734"
                     /citation=[5]
                     /replace="t"
     exon            1265. .1352
                     /gene="RB1"
                     /note="G00-118-734"
                     /number=12
     mutation        1320
                     /gene="RB1"
                     /note="Tumor GOS559 mutation causing premature stop.;
                     G00-118-734"
                     /citation=[5]
                     /replace="t"
     mutation        1352. .1375
                     /gene="RB1"
                     /note="Tumor GOS13 unilateral frameshift mutation
                     resulting in premature stop; Associated with this mutation
                     is a large 13q14.3 sub-band deletion; G00-118-734"
                     /citation=[5]
                     /replace="ca"
     exon            1353. .1469
                     /gene="RB1"
                     /note="G00-118-734"
                     /number=13
     mutation        1400. .1401
                     /gene="RB1"
                     /note="RBF58 insertion mutation causing premature stop;
                     G00-118-734"
                     /citation=[4]
                     /replace="taa"
     exon            1470. .1526

  Query Match             99.9%;  Score 2953;  DB 10;  Length 4839;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 2953;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      3 GCAGGACAGCGGCCCGGAGGACCTGCCTCTCGTCAGGCTTGAGTTTGAAGAAACAGAAGA 62
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    239 GCAGGACAGCGGCCCGGAGGACCTGCCTCTCGTCAGGCTTGAGTTTGAAGAAACAGAAGA 298

Qy     63 ACCTGATTTTACTGCATTATGTCAGAAATTAAAGATACCAGATCATGTCAGAGAGAGAGC 122
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    299 ACCTGATTTTACTGCATTATGTCAGAAATTAAAGATACCAGATCATGTCAGAGAGAGAGC 358

Qy    123 TTGGTTAACTTGGGAGAAAGTTTCATCTGTGGATGGAGTATTGGGAGGTTATATTCAAAA 182
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    359 TTGGTTAACTTGGGAGAAAGTTTCATCTGTGGATGGAGTATTGGGAGGTTATATTCAAAA 418

Qy    183 GAAAAAGGAACTGTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTC 242
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    419 GAAAAAGGAACTGTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTC 478

Qy    243 GTTCACTTTTACTGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTT 302
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    479 GTTCACTTTTACTGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTT 538

Qy    303 ACTAAAAGAAATTGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAA 362
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    539 ACTAAAAGAAATTGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAA 598

Qy    363 GTATGATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTT 422
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    599 GTATGATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTT 658

Qy    423 GACACAACCCAGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTC 482
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    659 GACACAACCCAGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTC 718

Qy    483 TTGGATCACATTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGAT 542
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    719 TTGGATCACATTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGAT 778

Qy    543 TTCATTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTT 602
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    779 TTCATTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTT 838

Qy    603 GCTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAG 662
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    839 GCTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAG 898

Qy    663 GCGAGGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTAT 722
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    899 GCGAGGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTAT 958

Qy    723 TGAAGTTCTCTGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAA 782
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    959 TGAAGTTCTCTGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAA 1018

Qy    783 AAATTTTATACCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGT 842
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1019 AAATTTTATACCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGT 1078

Qy    843 TGAAAATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAG 902
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1079 TGAAAATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAG 1138

Qy    903 ATTATTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACA 962
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1139 ATTATTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACA 1198

Qy    963 GAGAACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCC 1022
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1199 GAGAACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCC 1258

Qy   1023 AGTTAGGACTGTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGA 1082
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1259 AGTTAGGACTGTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGA 1318

Qy   1083 TCAACCTTCAGAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAG 1142
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1319 TCAACCTTCAGAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAG 1378

Qy   1143 TATACTGAAAAGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGT 1202
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1379 TATACTGAAAAGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGT 1438

Qy   1203 GGGACAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTA 1262
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1439 GGGACAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTA 1498

Qy   1263 CCGAGTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAG 1322
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1499 CCGAGTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAG 1558

Qy   1323 CAAACTTCTGAATGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGT 1382
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1559 CAAACTTCTGAATGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGT 1618

Qy   1383 AATGGCCACATATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTT 1442
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1619 AATGGCCACATATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTT 1678

Qy   1443 CCCATGGATTCTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAG 1502
```

```
Db   1679 CCCATGGATTCTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAG 1738

Qy   1503 TTTTATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGAACGATGTGA 1562
Db   1739 TTTTATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGAACGATGTGA 1798

Qy   1563 ACATCGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAA 1622
Db   1799 ACATCGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAA 1858

Qy   1623 ACAATCAAAGGACCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCT 1682
Db   1859 ACAATCAAAGGACCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCT 1918

Qy   1683 TCCTCTCCAGAATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAA 1742
Db   1919 TCCTCTCCAGAATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAA 1978

Qy   1743 GAAAAAAGGTTCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTC 1802
Db   1979 GAAAAAAGGTTCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTC 2038

Qy   1803 AGCCTTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGT 1862
Db   2039 AGCCTTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGT 2098

Qy   1863 GTATCGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCC 1922
Db   2099 GTATCGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCC 2158

Qy   1923 AGAATTAGAACATATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACT 1982
Db   2159 AGAATTAGAACATATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACT 2218

Qy   1983 CATGAGAGACAGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGT 2042
Db   2219 CATGAGAGACAGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGT 2278

Qy   2043 GAAGAATATAGACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGC 2102
Db   2279 GAAGAATATAGACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGC 2338

Qy   2103 TGTTCAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGT 2162
Db   2339 TGTTCAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGT 2398

Qy   2163 ATTCTATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCAC 2222
Db   2399 ATTCTATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCAC 2458

Qy   2223 CAGGCCCCCTACCTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAG 2282
Db   2459 CAGGCCCCCTACCTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAG 2518

Qy   2283 TTCACCCTTACGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAA 2342
Db   2519 TTCACCCTTACGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAA 2578

Qy   2343 AATTTCAGAAGGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATC 2402
Db   2579 AATTTCAGAAGGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATC 2638

Qy   2403 AATTGGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAA 2462
Db   2639 AATTGGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAA 2698

Qy   2463 CAGCGACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAA 2522
Db   2699 CAGCGACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAA 2758

Qy   2523 ACTACGCTTTGATATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGA 2582
Db   2759 ACTACGCTTTGATATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGA 2818

Qy   2583 GTCCAAATTTCAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCA 2642
Db   2819 GTCCAAATTTCAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCA 2878

Qy   2643 GAAAATGAATGATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAATGAGGATCTCAGGACCT 2702
Db   2879 GAAAATGAATGATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAATGAGGATCTCAGGACCT 2938

Qy   2703 TGGTGGACACTGTGTACACCTCTGGATTCATTGTCTCTCACAGATGTGACTGTATAACTT 2762
Db   2939 TGGTGGACACTGTGTACACCTCTGGATTCATTGTCTCTCACAGATGTGACTGTATAACTT 2998

Qy   2763 TCCCAGGTTCTGTTTATGGCCACATTTAATATCTTCAGCTCTTTTTGTGGATATAAAATG 2822
Db   2999 TCCCAGGTTCTGTTTATGGCCACATTTAATATCTTCAGCTCTTTTTGTGGATATAAAATG 3058

Qy   2823 TGCAGATGCAATTGTTTGGGTGATTCCTAAGCCACTTGAAATGTTAGTCATTGTTATTTA 2862
Db   3059 TGCAGATGCAATTGTTTGGGTGATTCCTAAGCCACTTGAAATGTTAGTCATTGTTATTTA 3118

Qy   2883 TACAAGATTGAAAATCTTGTGTAAATCCTGCCATTTAAAAAGTTGTAGCAGATTGTTTCC 2942
Db   3119 TACAAGATTGAAAATCTTGTGTAAATCCTGCCATTTAAAAAGTTGTAGCAGATTGTTTCC 3178

Qy   2943 TCTTCCAAAGTAA 2955
Db   3179 TCTTCCAAAGTAA 3191
```

RESULT 2
HUMRBA1RA

LOCUS	HUMRBA1RA 4600 bp mRNA PRI 12-JUL-1995
DEFINITION	Human retinoblastoma associated (RB1) mRNA, complete cds.
ACCESSION	M33647 J02994
VERSION	M33647.1 GI:190945
KEYWORDS	retinoblastoma protein.
SOURCE	Homo sapiens (clone: p4.7R) cDNA to mRNA.
ORGANISM	Homo sapiens Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Mammalia; Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE	1 (bases 1 to 4600)
AUTHORS	Friend,S.H., Horowitz,J.M., Gerber,M.R., Wang,X.F., Bogenmann,E., Li,F.P. and Weinberg,R.A.
TITLE	Deletions of a DNA sequence in retinoblastomas and mesenchymal tumors: organization of the sequence and its encoded protein [published erratum appears in Proc Natl Acad Sci U S A 1988 Apr;85(7):2234]
JOURNAL	Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 84 (24), 9059-9063 (1987)
MEDLINE	88097427
COMMENT	Draft entry and computer-readable copy of sequence for [1] kindly provided by S.H.Friend, 10-FEB-1988.

FEATURES Location/Qualifiers

```
     source          1. .4600
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="p4.7R"
                     /cell_type="retinoblast"
                     /map="13q14.2"
     gene            4. .2790
                     /gene="RB1"
     CDS             4. .2790
                     /gene="RB1"
                     /note="retinoblastoma-associated protein"
                     /codon_start=1
                     /db_xref="GDB:G00-118-734"
                     /protein_id="AAA69806.1"
                     /db_xref="GI:190946"
                     /translation="MPPKTPRKTAATAAAAAEPPAPPPPPPPEEDPEQDSGPEDLPL
                     VRLEFEETEEPDFTALCQKLKIPDHVRERAWLTWEKVSSVDGVLGGYIQKKKELWGIC
                     IFIAAVDLDEMSFTFTELQKNIEISVHKFFNLLKEIDTSTKVDNAMSRLLKKYDVLFA
                     LFSKLERTCELIYLTQPSSSISTEINSALVLKVSWITFLLAKGEVLQMEDDLVISFQL
```

```
                     MLCVLDYFIKLSPPMLLKEPYKTAVIPINGSPRTPRRGQNRSARIAKQLENDTRIIEV
                     LCKEHECNIDEVKNVYFKNFIPFMNSLGLVTSNGLPEVENLSKRYEEIYLKNKDLDAR
                     LFLDHDKTLQTDSIDSFETQRTPRKSNLDEEVNVIPPHTPVRTVMNTIQQLMMILNSA
                     SDQPSENLISYFNNCTVNPKESILKRVKDIGYIFKEKFAKAVGQGCVEIGSQRYKLGV
                     RLYYRVMESMLKSEEERLSIQNFSKLLNDNIFHMSLLACALEVVMATYSRSTSQNLDS
                     GTDLSFPWILNVLNLKAFDFYKVIESFIKAEGNLTREMIKHLERCEHRIMESLAWLSD
                     SPLFDLIKQSKDREGPTDHLESACPLNLPLQNNHTAADMYLSPVRSPKKKGSTTRVNS
                     TANAETQATSAFQTQKPLKSTSLSLFYKKVYRLAYLRLNTLCERLLSEHPELEHIIWT
                     LFQHTLQNEYELMRDRHLDQIMMCSMYGICKVKNIDLKFKIIVTAYKDLPHAVQETFK
                     RVLIKEEEYDSIIVFYNSVFMQRLKTNILQYASTRPPTLSPIPHIPRSPYKFPSSPLR
                     IPGGNIYISPLKSPYKISEGLPTPTKMTPRSRILVSIGESFGTSEKFQKINQMVCNSD
                     RVLKRSAEGSNPPKPLKKLRFDIEGSDEADGSKHLPGESKFQQKLAEMTSTRTRMQKQ
                     KMNDSMDTSNKEEK"
BASE COUNT     1489 a    842 c    815 g   1454 t
ORIGIN

  Query Match             99.9%;  Score 2953;  DB 10;  Length 4600;
  Best Local Similarity   100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 2953;  Conservative    0;  Mismatches    0;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy      3 GCAGGACAGCGGCCCGGAGGACCTGCCTCTCGTCAGGCTTGAGTTTGAAGAAACAGAAGA 62
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    105 GCAGGACAGCGGCCCGGAGGACCTGCCTCTCGTCAGGCTTGAGTTTGAAGAAACAGAAGA 164

Qy     63 ACCTGATTTTACTGCATTATGTCAGAAATTAAAGATACCAGATCATGTCAGAGAGAGAGC 122
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    165 ACCTGATTTTACTGCATTATGTCAGAAATTAAAGATACCAGATCATGTCAGAGAGAGAGC 224

Qy    123 TTGGTTAACTTGGGAGAAAGTTTCATCTGTGGATGGAGTATTGGGAGGTTATATTCAAAA 182
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    225 TTGGTTAACTTGGGAGAAAGTTTCATCTGTGGATGGAGTATTGGGAGGTTATATTCAAAA 284

Qy    183 GAAAAAGGAACTGTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTC 242
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    285 GAAAAAGGAACTGTGGGGAATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTC 344

Qy    243 GTTCACTTTTACTGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTT 302
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    345 GTTCACTTTTACTGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTT 404

Qy    303 ACTAAAAGAAATTGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAA 362
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    405 ACTAAAAGAAATTGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAA 464

Qy    363 GTATGATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTT 422
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    465 GTATGATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTT 524

Qy    423 GACACAACCCAGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTC 482
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    525 GACACAACCCAGCAGTTCGATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTC 584

Qy    483 TTGGATCACATTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGAT 542
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    585 TTGGATCACATTTTTATTAGCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGAT 644

Qy    543 TTCATTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTT 602
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    645 TTCATTTCAGTTAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTT 704

Qy    603 GCTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAG 662
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    705 GCTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAG 764

Qy    663 GCGAGGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTAT 722
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    765 GCGAGGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTAT 824

Qy    723 TGAAGTTCTCTGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAA 782
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    825 TGAAGTTCTCTGTAAAGAACATGAATGTAATATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAA 884

Qy    783 AAATTTTATACCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGT 842
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    885 AAATTTTATACCTTTTATGAATTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGT 944

Qy    843 TGAAAATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAG 902
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    945 TGAAAATCTTTCTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAG 1004

Qy    903 ATTATTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACA 962
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1005 ATTATTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTTTGAAACACA 1064

Qy    963 GAGAACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCC 1022
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1065 GAGAACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATGTAATTCCTCCACACACTCC 1124

Qy   1023 AGTTAGGACTGTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGA 1082
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1125 AGTTAGGACTGTTATGAACACTATCCAACAATTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGA 1184

Qy   1083 TCAACCTTCAGAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAG 1142
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1185 TCAACCTTCAGAAAATCTGATTTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAG 1244

Qy   1143 TATACTGAAAAGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGT 1202
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1245 TATACTGAAAAGAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGT 1304

Qy   1203 GGGACAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTA 1262
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1305 GGGACAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCGCTTGTATTA 1364

Qy   1263 CCGAGTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAG 1322
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1365 CCGAGTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGATTATCCATTCAAAATTTTAG 1424

Qy   1323 CAAACTTCTGAATGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGT 1382
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1425 CAAACTTCTGAATGACAACATTTTTCATATGTCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGT 1484

Qy   1383 AATGGCCACATATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTT 1442
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1485 AATGGCCACATATAGCAGAAGTACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTT 1544

Qy   1443 CCCATGGATTCTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAG 1502
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1545 CCCATGGATTCTGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAG 1604

Qy   1503 TTTTATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGAACGATGTGA 1562
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1605 TTTTATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGAACGATGTGA 1664

Qy   1563 ACATCGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAA 1622
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1665 ACATCGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCACCTTTATTTGATCTTATTAA 1724

Qy   1623 ACAATCAAAGGACCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCT 1682
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1725 ACAATCAAAGGACCGAGAAGGACCAACTGATCACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCT 1784

Qy   1683 TCCTCTCCAGAATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAA 1742
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1785 TCCTCTCCAGAATAATCACACTGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAA 1844

Qy   1743 GAAAAAAGGTTCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATCCAGAGACACAAGCAACCTC 1802
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1845 GAAAAAAGGTTCAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTC 1904

Qy   1803 AGCCTTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGT 1862
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   1905 AGCCTTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTTTCACTGTTTTATAAAAAAGT 1964

Qy   1863 GTATCGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCC 1922
```

```
Db   1965 GTATCGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAACGCCTTCTGTCTGAGCACCC 2024

Qy   1923 AGAATTAGAACATATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACT 1982
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2025 AGAATTAGAACATATCATCTGGACCCTTTTCCAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACT 2084

Qy   1983 CATGAGAGACAGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGT 2042
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2085 CATGAGAGACAGGCATTTGGACCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGT 2144

Qy   2043 GAAGAATATAGACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGC 2102
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2145 GAAGAATATAGACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGC 2204

Qy   2103 TGTTCAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGT 2162
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2205 TGTTCAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTCTATTATAGT 2264

Qy   2163 ATTCTATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCAC 2222
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2265 ATTCTATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATATTTTGCAGTATGCTTCCAC 2324

Qy   2223 CAGGCCCCCTACCTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAG 2282
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2325 CAGGCCCCCTACCTTGTCACCAATACCTCACATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAG 2384

Qy   2283 TTCACCCTTACGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAA 2342
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2385 TTCACCCTTACGGATTCCTGGAGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAA 2444

Qy   2343 AATTTCAGAAGGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATC 2402
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2445 AATTTCAGAAGGTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATC 2504

Qy   2403 AATTGGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAA 2462
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2505 AATTGGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGATGGTATGTAA 2564

Qy   2463 CAGCGACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAA 2522
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2565 CAGCGACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACCCTCCTAAACCACTGAAAAA 2624

Qy   2523 ACTACGCTTTGATATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGA 2582
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2625 ACTACGCTTTGATATTGAAGGATCAGATGAAGCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGA 2684

Qy   2583 GTCCAAATTTCAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCA 2642
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db      5 GTCCAAATTTCAGCAGAAACTGGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCA 2744

Qy   2643 GAAAATGAATGATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAATGAGGATCTCAGGACCT 2702
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2745 GAAAATGAATGATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAATGAGGATCTCAGGACCT 2804

Qy   2703 TGGTGGACACTGTGTACACCTCTGGATTCATTGTCTCTCACAGATGTGACTGTATAACTT 2762
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2805 TGGTGGACACTGTGTACACCTCTGGATTCATTGTCTCTCACAGATGTGACTGTATAACTT 2864

Qy   2763 TCCCAGGTTCTGTTTATGGCCACATTTAATATCTTCAGCTCTTTTTGTGGATATAAAATG 2822
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2865 TCCCAGGTTCTGTTTATGGCCACATTTAATATCTTCAGCTCTTTTTGTGGATATAAAATG 2924

Qy   2823 TGCAGATGCAATTGTTTGGGTGATTCCTAAGCCACTTGAAATGTTAGTCATTGTTATTTA 2882
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2925 TGCAGATGCAATTGTTTGGGTGATTCCTAAGCCACTTGAAATGTTAGTCATTGTTATTTA 2984

Qy   2883 TACAAGATTGAAAATCTTGTGTAAATCCTGCCATTTAAAAAGTTGTAGCAGATTGTTTCC 2942
          ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db   2985 TACAAGATTGAAAATCTTGTGTAAATCCTGCCATTTAAAAAGTTGTAGCAGATTGTTTCC 3044

Qy   2943 TCTTCCAAAGTAA 2955
          |||||||||||||
```

```
Db   3045 TCTTCCAAAGTAA 3057


RESULT   3
I05311
LOCUS       I05311       4597 bp                    PAT       02-DEC-1994
DEFINITION  Sequence 1 from Patent EP 0259031.
ACCESSION   I05311
VERSION     I05311.1  GI:591083
KEYWORDS    .
SOURCE      Unknown.
  ORGANISM  Unknown.
            Unclassified.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4597)
  AUTHORS   Dryja,T.P. and Friend,S.
  TITLE     Human DNA in the diagnosis of retinoblastoma
  JOURNAL   Patent: EP 0259031-A2 1 09-MAR-1988;
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .4597
                     /organism="unknown"
BASE COUNT     1489 a    842 c    812 g   1454 t
ORIGIN


  Query Match           97.6%;  Score 2883;  DB 5;  Length 4597;
  Best Local Similarity  100.0%;  Pred. No. 0;
  Matches 2933;  Conservative    0;  Mismatches    1;  Indels    0;  Gaps    0;

Qy     22 GACCTGCCTCTCGTCAGGCTTGAGTTTGAAGAAACAGAAGAACCTGATTTTACTGCATTA 81
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    121 GACCTGCCTCTCGTCAGGCTTGAGTTTGAAGAAACAGAAGAACCTGATTTTACTGCATTA 180

Qy     82 TGTCAGAAATTAAAGATACCAGATCATGTCAGAGAGAGAGCTTGGTTAACTTGGGAGAAA 141
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    181 TGTCAGAAATTAAAGATACCAGATCATGTCAGAGAGAGAGCTTGGTTAACTTGGGAGAAA 240

Qy    142 GTTTCATCTGTGGATGGAGTATTGGGAGGTTATATTCAAAAGAAAAAGGAACTGTGGGGA 201
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    241 GTTTCATCTGTGGATGGAGTATTGGGAGGTTATATTCAAAAGAAAAAGGAACTGTGGGGA 300

Qy    202 ATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTCGTTCACTTTTACTGAGCTA 261
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    301 ATCTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTCGTTCACTTTTACTGAGCTA 360

Qy    262 CAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTTACTAAAAGAAATTGATACC 321
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    361 CAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTTACTAAAAGAAATTGATACC 420

Qy    322 AGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATTGTTTGCA 381
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    421 AGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACTGTTGAAGAAGTATGATGTATTGTTTGCA 480

Qy    382 CTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAGCAGTTCG 441
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    481 CTCTTCAGCAAATTGGAAAGGACATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAGCAGTTCG 540

Qy    442 ATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACATTTTTATTA 501
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    541 ATATCTACTGAAATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACATTTTTATTA 600

Qy    502 GCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAGTTAATGCTA 561
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    601 GCTAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAGTTAATGCTA 660

Qy    562 TGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAACCATATAAA 621
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    661 TGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTGCTCAAAGAACCATATAAA 720

Qy    622 ACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAACAGGAGT 681
          |||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
Db    721 ACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCGAACACCCAGGCGAGGTCAGAACAGGAGT 780

Qy    682 GCACGGATAGCAAAACAACTAGAAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTGTAAAGAA 741
```

```
    785 lyLeuProThrProThrLysMetThrProArgSerArgIleLeuValSer 801
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
   2590 GTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATCA 2639

    802 IleGlyGluSerPheGlyThrSerGluLysPheGlnLysIleAsnGlnMe 818
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
   2640 ATTGGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGAT 2689

    818 tValCysAsnSerAspArgValLeuLysArgSerAlaGluGlySerAsnP 835
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
   2690 GGTATGTAACAGCGACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACC 2739

    835 roProLysProLeuLysLysLeuArgPheAspIleGluGlySerAspGlu 851
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
   2740 CTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTTGATATTGAAGGATCAGATGAA 2789

    85[redacted]laAspGlySerLysHisLeuProGlyGluSerLysPheGlnGlnLysLe 868
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
   27[redacted]CAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTTCAGCAGAAACT 2839

    868 uAlaGluMetThrSerThrArgThrArgMetGlnLysGlnLysMetAsnA 885
        ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
   2840 GGCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCAGAAAATGAATG 2889

    885 spSerMetAspThrSerAsnLysGluGluLys 895
        |||||||||||||||||||||||||||||||
   2890 ATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2921

seq_name: gb_pr2:HUMRBA1RA

seq_documentation_block:
LOCUS       HUMRBA1RA    4600 bp    mRNA            PRI       12-JUL-1995
DEFINITION  Human retinoblastoma associated (RB1) mRNA, complete cds.
ACCESSION   M33647 J02994
VERSION     M33647.1  GI:190945
KEYWORDS    retinoblastoma protein.
SOURCE      Homo sapiens (clone: p4.7R) cDNA to mRNA.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Mammalia;
            Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 4600)
  AUTHORS   Friend,S.H., Horowitz,J.M., Gerber,M.R., Wang,X.F., Bogenmann,E.,
            Li,F.P. and Weinberg,R.A.
  TITLE     Deletions of a DNA sequence in retinoblastomas and mesenchymal
            tumors: organization of the sequence and its encoded protein
            [published erratum appears in Proc Natl Acad Sci U S A 1988
            Apr;85(7):2234]
  JOURNAL   Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A. 84 (24), 9059-9063 (1987)
  MEDLINE   88097427
COMMENT     Draft entry and computer-readable copy of sequence for [1] kindly
            provided by S.H.Friend, 10-FEB-1988.
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .4600
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /clone="p4.7R"
                     /cell_type="retinoblast"
                     /map="13q14.2"
     gene            4. .2790
                     /gene="RB1"
     CDS             4. .2790
                     /gene="RB1"
                     /note="retinoblastoma-associated protein"
                     /codon_start=1
                     /db_xref="GDB:G00-118-734"
                     /protein_id="AAA69806.1"
                     /db_xref="GI:190946"
                     /translation="MPPKTPRKTAATAAAAAAEPPAPPPPPPPEEDPEQDSGPEDLPL
                     VRLEFEETEEPDFTALCQKLKIPDHVRERAWLTWEKVSSVDGVLGGYIQKKKELWGIC
                     IFIAAVDLDEMSFTFTELQKNIEISVHKFFNLLKEIDTSTKVDNAMSRLLKKYDVLFA
                     LFSKLERTCELIYLTQPSSSISTEINSALVLKVSWITFLLAKGEVLQMEDDLVISFQL
                     MLCVLDYFIKLSPPMLLKEPYKTAVIPINGSPRTPRRGQNRSARIAKQLENDTRIIEV
                     LCKEHECNIDEVKNVYFKNFIPFMNSLGLVTSNGLPEVENLSKRYEEIYLKNKDLDAR
                     LFLDHDKTLQTDSIDSFETQRTPRKSNLDEEVNVIPPHTPVRTVMNTIQQLMMILNSA
                     SDQPSENLISYFNNCTVNPKESILKRVKDIGYIFKEKFAKAVGQGCVEIGSQRYKLGV
                     RLYYRVMESMLKSEEERLSIQNFSKLLNDNIFHMSLLACALEVVMATYSRSTSQNLDS
                     GTDLSFPWILNVLNLKAFDFYKVIESFIKAEGNLTREMIKHLERCEHRIMESLAWLSD
                     SPLFDLIKQSKDREGPTDHLESACPLNLPLQNNHTAADMYLSPVRSPKKKGSTTRVNS
                     TANAETQATSAFQTQKPLKSTSLSLFYKKVYRLAYLRLNTLCERLLSEHPELEHIIWT
                     LFQHTLQNEYELMRDRHLDQIMMCSMYGICKVKNIDLKFKIIVTAYKDLPHAVQETFK
                     RVLIKEEEYDSIIVFYNSVFMQRLKTNILQYASTRPPTLSPIPHIPRSPYKFPSSPLR
                     IPGGNIYISPLKSPYKISEGLPTPTKMTPRSRILVSIGESFGTSEKFQKINQMVCNSD
                     RVLKRSAEGSNPPKPLKKLRFDIEGSDEADGSKHLPGESKFQQKLAEMTSTRTRMQKQ
                     KMNDSMDTSNKEEK"
BASE COUNT     1489 a     842 c     815 g    1454 t
ORIGIN


alignment_scores:
            Quality:  894.00          Length:    894
              Ratio:  1.000             Gaps:      0
 Percent Similarity: 100.000   Percent Identity: 100.000

alignment_block:
 US-09-026-459A-29 x HUMRBA1RA   ..

 Align seg 1/1  to: HUMRBA1RA  from: 1  to: 4600

       2 GlnAspSerGlyProGluAspLeuProLeuValArgLeuGluPheGluGl 18
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     106 CAGGACAGCGGCCCGGAGGACCTGCCTCTCGTCAGGCTTGAGTTTGAAGA 155

      18 uThrGluGluProAspPheThrAlaLeuCysGlnLysLeuLysIleProA 35
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     156 AACAGAAGAACCTGATTTTACTGCATTATGTCAGAAATTAAAGATACCAG 205

      35 spHisValArgGluArgAlaTrpLeuThrTrpGluLysValSerSerVal 51
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     206 ATCATGTCAGAGAGAGAGCTTGGTTAACTTGGGAGAAAGTTTCATCTGTG 255

      52 AspGlyValLeuGlyGlyTyrIleGlnLysLysLysGluLeuTrpGlyIl 68
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     256 GATGGAGTATTGGGAGGTTATATTCAAAAGAAAAAGGAACTGTGGGGAAT 305

      68 eCysIlePheIleAlaAlaValAspLeuAspGluMetSerPheThrPheT 85
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     306 CTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTCGTTCACTTTTA 355

      85 hrGluLeuGlnLysAsnIleGluIleSerValHisLysPhePheAsnLeu 101
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     356 CTGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTTA 405

     102 LeuLysGluIleAspThrSerThrLysValAspAsnAlaMetSerArgLe 118
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     406 CTAAAAGAAATTGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACT 455

     118 uLeuLysLysTyrAspValLeuPheAlaLeuPheSerLysLeuGluArgT 135
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     456 GTTGAAGAAGTATGATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGA 505

     135 hrCysGluLeuIleTyrLeuThrGlnProSerSerSerIleSerThrGlu 151
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     506 CATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAGCAGTTCGATATCTACTGAA 555

     152 IleAsnSerAlaLeuValLeuLysValSerTrpIleThrPheLeuLeuAl 168
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     556 ATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACATTTTTATTAGC 605

     168 aLysGlyGluValLeuGlnMetGluAspAspLeuValIleSerPheGlnL 185
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     606 TAAAGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAGT 655

     185 euMetLeuCysValLeuAspTyrPheIleLysLeuSerProProMetLeu 201
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     656 TAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTG 705
```

```
 740 TAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAGT 789

 185 euMetLeuCysValLeuAspTyrPheIleLysLeuSerProProMetLeu 201
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 790 TAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTG 839

 202 LeuLysGluProTyrLysThrAlaValIleProIleAsnGlySerProAr 218
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 840 CTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCG 889

 218 gThrProArgArgGlyGlnAsnArgSerAlaArgIleAlaLysGlnLeuG 235
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 890 AACACCCAGGCGAGGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAG 939

 235 luAsnAspThrArgIleIleGluValLeuCysLysGluHisGluCysAsn 251
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 940 AAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTGTAAAGAACATGAATGTAAT 989

 252 IleAspGluValLysAsnValTyrPheLysAsnPheIleProPheMetAs 268
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     ATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATACCTTTTATGAA 1039

 268 nSerLeuGlyLeuValThrSerAsnGlyLeuProGluValGluAsnLeuS 285
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1040 TTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAAAATCTTT 1089

 285 erLysArgTyrGluGluIleTyrLeuLysAsnLysAspLeuAspAlaArg 301
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1090 CTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAGA 1139

 302 LeuPheLeuAspHisAspLysThrLeuGlnThrAspSerIleAspSerPh 318
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1140 TTATTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTT 1189

 318 eGluThrGlnArgThrProArgLysSerAsnLeuAspGluGluValAsnV 335
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1190 TGAAACACAGAGAACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATG 1239

 335 alIleProProHisThrProValArgThrValMetAsnThrIleGlnGln 351
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1240 TAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACTGTTATGAACACTATCCAACAA 1289

 352 LeuMetMetIleLeuAsnSerAlaSerAspGlnProSerGluAsnLeuIl 368
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1290 TTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCAGAAAATCTGAT 1339

 368 eSerTyrPheAsnAsnCysThrValAsnProLysGluSerIleLeuLysA 385
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     TTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATACTGAAAA 1389

 385 rgValLysAspIleGlyTyrIlePheLysGluLysPheAlaLysAlaVal 401
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1390 GAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGTG 1439

 402 GlyGlnGlyCysValGluIleGlySerGlnArgTyrLysLeuGlyValAr 418
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1440 GGACAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCG 1489

 418 gLeuTyrTyrArgValMetGluSerMetLeuLysSerGluGluGluArgL 435
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1490 CTTGTATTACCGAGTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGAT 1539

 435 euSerIleGlnAsnPheSerLysLeuLeuAsnAspAsnIlePheHisMet 451
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1540 TATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTGAATGACAACATTTTTCATATG 1589

 452 SerLeuLeuAlaCysAlaLeuGluValValMetAlaThrTyrSerArgSe 468
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1590 TCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACATATAGCAGAAG 1639

 468 rThrSerGlnAsnLeuAspSerGlyThrAspLeuSerPheProTrpIleL 485
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1640 TACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCATGGATTC 1689
```

```
 485 euAsnValLeuAsnLeuLysAlaPheAspPheTyrLysValIleGluSer 501
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1690 TGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAGT 1739

 502 PheIleLysAlaGluGlyAsnLeuThrArgGluMetIleLysHisLeuGl 518
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1740 TTTATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGA 1789

 518 uArgCysGluHisArgIleMetGluSerLeuAlaTrpLeuSerAspSerP 535
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1790 ACGATGTGAACATCGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCAC 1839

 535 roLeuPheAspLeuIleLysGlnSerLysAspArgGluGlyProThrAsp 551
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1840 CTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAGGACCGAGAAGGACCAACTGAT 1889

 552 HisLeuGluSerAlaCysProLeuAsnLeuProLeuGlnAsnAsnHisTh 568
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1890 CACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAGAATAATCACAC 1939

 568 rAlaAlaAspMetTyrLeuSerProValArgSerProLysLysLysGlyS 585
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1940 TGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAAAAAGGTT 1989

 585 erThrThrArgValAsnSerThrAlaAsnAlaGluThrGlnAlaThrSer 601
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1990 CAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTCA 2039

 602 AlaPheGlnThrGlnLysProLeuLysSerThrSerLeuSerLeuPheTy 618
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2040 GCCTTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTTTCACTGTTTTA 2089

 618 rLysLysValTyrArgLeuAlaTyrLeuArgLeuAsnThrLeuCysGluA 635
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2090 TAAAAAAGTGTATCGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAAC 2139

 635 rgLeuLeuSerGluHisProGluLeuGluHisIleIleTrpThrLeuPhe 651
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2140 GCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAACATATCATCTGGACCCTTTTC 2189

 652 GlnHisThrLeuGlnAsnGluTyrGluLeuMetArgAspArgHisLeuAs 668
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2190 CAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCATGAGAGACAGGCATTTGGA 2239

 668 pGlnIleMetMetCysSerMetTyrGlyIleCysLysValLysAsnIleA 685
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2240 CCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGTGAAGAATATAG 2289

 685 spLeuLysPheLysIleIleValThrAlaTyrLysAspLeuProHisAla 701
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2290 ACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGCT 2339

 702 ValGlnGluThrPheLysArgValLeuIleLysGluGluGluTyrAspSe 718
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2340 GTTCAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTC 2389

 718 rIleIleValPheTyrAsnSerValPheMetGlnArgLeuLysThrAsnI 735
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2390 TATTATAGTATTCTATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATA 2439

 735 leLeuGlnTyrAlaSerThrArgProProThrLeuSerProIleProHis 751
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2440 TTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCTACCTTGTCACCAATACCTCAC 2489

 752 IleProArgSerProTyrLysPheProSerSerProLeuArgIleProGl 768
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2490 ATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTACGGATTCCTGG 2539

 768 yGlyAsnIleTyrIleSerProLeuLysSerProTyrLysIleSerGluG 785
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2540 AGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAAAATTTCAGAAG 2589
```

```
  2506 ATTGGTGAATCATTCGGGACTTCTGAGAAGTTCCAGAAAATAAATCAGAT 2555

   818 tValCysAsnSerAspArgValLeuLysArgSerAlaGluGlySerAsnP 835
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  2556 GGTATGTAACAGCGACCGTGTGCTCAAAAGAAGTGCTGAAGGAAGCAACC 2605

   835 roProLysProLeuLysLysLeuArgPheAspIleGluGlySerAspGlu 851
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  2606 CTCCTAAACCACTGAAAAAACTACGCTTTGATATTGAAGGATCAGATGAA 2655

   852 AlaAspGlySerLysHisLeuProGlyGluSerLysPheGlnGlnLysLe 868
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  2656 GCAGATGGAAGTAAACATCTCCCAGGAGAGTCCAAATTTCAGCAGAAACT 2705

   868 uAlaGluMetThrSerThrArgThrArgMetGlnLysGlnLysMetAsnA 885
       ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
  27[redacted]GCAGAAATGACTTCTACTCGAACACGAATGCAAAAGCAGAAAATGAATG 2755

   885 spSerMetAspThrSerAsnLysGluGluLys 895
       |||||||||||||||||||||||||||||||
  2756 ATAGCATGGATACCTCAAACAAGGAAGAGAAA 2787

seq_name: gb_pr2:HUMRBSA

seq_documentation_block:
LOCUS       HUMRBSA      2994 bp    mRNA            PRI       12-JUL-1995
DEFINITION  Human retinoblastoma susceptibility protein mRNA, complete cds.
ACCESSION   M28419
VERSION     M28419.1  GI:190962
KEYWORDS    retinoblastoma protein; retinoblastoma susceptibility protein.
SOURCE      Homo sapiens retinoblastoma cDNA to mRNA.
  ORGANISM  Homo sapiens
            Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Mammalia;
            Eutheria; Primates; Catarrhini; Hominidae; Homo.
REFERENCE   1  (bases 1 to 2994)
  AUTHORS   Lee,W.H., Shew,J.Y., Hong,F.D., Sery,T.W., Donoso,L.A., Young,L.J.,
            Bookstein,R. and Lee,E.Y.
  TITLE     The retinoblastoma susceptibility gene encodes a nuclear
            phosphoprotein associated with DNA binding activity
  JOURNAL   Nature 329 (6140), 642-645 (1987)
  MEDLINE   88014238
FEATURES             Location/Qualifiers
     source          1. .2994
                     /organism="Homo sapiens"
                     /db_xref="taxon:9606"
                     /cell_line="retinoblastoma cell line Y79, and normal
                     retinoblastoma cell line"
                     /tissue_type="retinoblastoma"
                     /map="Xp22.32;Yp11.3"
     gene            139. .2925
                     /gene="MIC2"
     CDS             139. .2925
                     /gene="MIC2"
                     /note="retinoblastoma suceptibility protein"
                     /codon_start=1
                     /db_xref="GDB:G00-120-184"
                     /protein_id="AAA69808.1"
                     /db_xref="GI:190963"
                     /translation="MPPKTPRKTAATAAAAAAEPPAPPPPPPPEEDPEQDSGPEDLPL
                     VRLEFEETEEPDFTALCQKLKIPDHVRERAWLTWEKVSSVDGVLGGYIQKKKELWGIC
                     IFIAAVDLDEMSFTFTELQKNIEISVHKFFNLLKEIDTSTKVDNAMSRLLKKYDVLFA
                     LFSKLERTCELIYLTQPSSSISTEINSALVLKVSWITFLLAKGEVLQMEDDLVISFQL
                     MLCVLDYFIKLSPPMLLKEPYKTAVIPINGSPRTPRRGQNRSARIAKQLENDTRIIEV
                     LCKEHECNIDEVKNVYFKNFIPFMNSLGLVTSNGLPEVENLSKRYEEIYLKNKDLDAR
                     LFLDHDKTLQTDSIDSFETQRTPRKSNLDEEVNVIPPHTPVRTVMNTIQQLMMILNSA
                     SDQPSENLISYFNNCTVNPKESILKRVKDIGYIFKEKFAKAVGQGCVEIGSQRYKLGV
                     RLYYRVMESMLKSEEERLSIQNFSKLLNDNIFHMSLLACALEVVMATYSRSTSQNLDS
                     GTDESFPWILNVLNLKAFDFYKVIESFIKAEGNLTREMIKHLERCEHRIMESLAWLSD
                     SPLFDLIKQSKDREGPTDHLESACPLNLPLQNNHTAADMYLSPVRSPKKKGSTTRVNS
                     TANAETQATSAFQTQKPLKSTSLSLFYKKVYRLAYLRLNTLCERLLSEHPELEHIIWT
                     LFQHTLQNEYELMRDRHLDQIMMCSMYGICKVKNIDLKFKIIVTAYKDLPHAVQETFK
                     RVLIKEEEYDSIIVFYNSVFMQRLKTNILQYASTRPPTLSPIPHIPRSPYKFPSSPLR
                     IPGGNIYISPLKSPYKISEGLPTPTKMTPRSRILVSIGESFGTSEKFQKINQMVCNSD
                     RVLKRSAEGSNPPKPLKKLRFDIEGSDEADGSKHLPGESKFQQKLAEMTSTRTRMQKQ
                     KMNDSMDTSNKEEK"
BASE COUNT      974 a    618 c    593 g    809 t
ORIGIN


alignment_scores:
            Quality:  894.00            Length:    894
              Ratio:  1.000               Gaps:      0
 Percent Similarity: 100.000   Percent Identity: 100.000

alignment_block:
 US-09-026-459A-29 x HUMRBSA   ..

 Align seg 1/1  to: HUMRBSA  from: 1  to: 2994

       2 GlnAspSerGlyProGluAspLeuProLeuValArgLeuGluPheGluGl 18
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     241 CAGGACAGCGGCCCGGAGGACCTGCCTCTCGTCAGGCTTGAGTTTGAAGA 290

      18 uThrGluGluProAspPheThrAlaLeuCysGlnLysLeuLysIleProA 35
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     291 AACAGAAGAACCTGATTTTACTGCATTATGTCAGAAATTAAAGATACCAG 340

      35 spHisValArgGluArgAlaTrpLeuThrTrpGluLysValSerServal 51
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     341 ATCATGTCAGAGAGAGAGCTTGGTTAACTTGGGAGAAAGTTTCATCTGTG 390

      52 AspGlyValLeuGlyGlyTyrIleGlnLysLysLysGluLeuTrpGlyIl 68
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     391 GATGGAGTATTGGGAGGTTATATTCAAAAGAAAAAGGAACTGTGGGGAAT 440

      68 eCysIlePheIleAlaAlaValAspLeuAspGluMetSerPheThrPheT 85
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     441 CTGTATCTTTATTGCAGCAGTTGACCTAGATGAGATGTCGTTCACTTTTA 490

      85 hrGluLeuGlnLysAsnIleGluIleSerValHisLysPhePheAsnLeu 101
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     491 CTGAGCTACAGAAAAACATAGAAATCAGTGTCCATAAATTCTTTAACTTA 540

     102 LeuLysGluIleAspThrSerThrLysValAspAsnAlaMetSerArgLe 118
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     541 CTAAAAGAAATTGATACCAGTACCAAAGTTGATAATGCTATGTCAAGACT 590

     118 uLeuLysLysTyrAspValLeuPheAlaLeuPheSerLysLeuGluArgT 135
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     591 GTTGAAGAAGTATGATGTATTGTTTGCACTCTTCAGCAAATTGGAAAGGA 640

     135 hrCysGluLeuIleTyrLeuThrGlnProSerSerSerIleSerThrGlu 151
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     641 CATGTGAACTTATATATTTGACACAACCCAGCAGTTCGATATCTACTGAA 690

     152 IleAsnSerAlaLeuValLeuLysValSerTrpIleThrPheLeuLeuAl 168
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     691 ATAAATTCTGCATTGGTGCTAAAAGTTTCTTGGATCACATTTTTATTAGC 740

     168 aLysGlyGluValLeuGlnMetGluAspAspLeuValIleSerPheGlnL 185
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     741 TAAAGGGGAAGTATTACAAATGGAAGATGATCTGGTGATTTCATTTCAGT 790

     185 euMetLeuCysValLeuAspTyrPheIleLysLeuSerProProMetLeu 201
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     791 TAATGCTATGTGTCCTTGACTATTTTATTAAACTCTCACCTCCCATGTTG 840

     202 LeuLysGluProTyrLysThrAlaValIleProIleAsnGlySerProAr 218
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     841 CTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCG 890

     218 gThrProArgArgGlyGlnAsnArgSerAlaArgIleAlaLysGlnLeuG 235
         ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
     891 AACACCCAGGCGAGGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAG 940

     235 luAsnAspThrArgIleIleGluValLeuCysLysGluHisGluCysAsn 251
```

```
 202 LeuLysGluProTyrLysThrAlaValIleProIleAsnGlySerProAr 218
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 706 CTCAAAGAACCATATAAAACAGCTGTTATACCCATTAATGGTTCACCTCG 755

 218 gThrProArgArgGlyGlnAsnArgSerAlaArgIleAlaLysGlnLeuG 235
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 756 AACACCCAGGCGAGGTCAGAACAGGAGTGCACGGATAGCAAAACAACTAG 805

 235 luAsnAspThrArgIleIleGluValLeuCysLysGluHisGluCysAsn 251
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 806 AAAATGATACAAGAATTATTGAAGTTCTCTGTAAAGAACATGAATGTAAT 855

 252 IleAspGluValLysAsnValTyrPheLysAsnPheIleProPheMetAs 268
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 856 ATAGATGAGGTGAAAAATGTTTATTTCAAAAATTTTATACCTTTTATGAA 905

 268 nSerLeuGlyLeuValThrSerAsnGlyLeuProGluValGluAsnLeuS 285
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
 906 TTCTCTTGGACTTGTAACATCTAATGGACTTCCAGAGGTTGAAAATCTTT 955

 [illegible]erLysArgTyrGluGluIleTyrLeuLysAsnLysAspLeuAspAlaArg 301
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
[illegible] CTAAACGATACGAAGAAATTTATCTTAAAAATAAAGATCTAGATGCAAGA 1005

 302 LeuPheLeuAspHisAspLysThrLeuGlnThrAspSerIleAspSerPh 318
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1006 TTATTTTTGGATCATGATAAAACTCTTCAGACTGATTCTATAGACAGTTT 1055

 318 eGluThrGlnArgThrProArgLysSerAsnLeuAspGluGluValAsnV 335
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1056 TGAAACACAGAGAACACCACGAAAAAGTAACCTTGATGAAGAGGTGAATG 1105

 335 alIleProProHisThrProValArgThrValMetAsnThrIleGlnGln 351
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1106 TAATTCCTCCACACACTCCAGTTAGGACTGTTATGAACACTATCCAACAA 1155

 352 LeuMetMetIleLeuAsnSerAlaSerAspGlnProSerGluAsnLeuIl 368
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1156 TTAATGATGATTTTAAATTCAGCAAGTGATCAACCTTCAGAAAATCTGAT 1205

 368 eSerTyrPheAsnAsnCysThrValAsnProLysGluSerIleLeuLysA 385
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1206 TTCCTATTTTAACAACTGCACAGTGAATCCAAAAGAAAGTATACTGAAAA 1255

 385 rgValLysAspIleGlyTyrIlePheLysGluLysPheAlaLysAlaVal 401
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1256 GAGTGAAGGATATAGGATACATCTTTAAAGAGAAATTTGCTAAAGCTGTG 1305

 [illegible]GlyGlnGlyCysValGluIleGlySerGlnArgTyrLysLeuGlyValAr 418
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
[illegible] GGACAGGGTTGTGTCGAAATTGGATCACAGCGATACAAACTTGGAGTTCG 1355

 418 gLeuTyrTyrArgValMetGluSerMetLeuLysSerGluGluGluArgL 435
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1356 CTTGTATTACCGAGTAATGGAATCCATGCTTAAATCAGAAGAAGAACGAT 1405

 435 euSerIleGlnAsnPheSerLysLeuLeuAsnAspAsnIlePheHisMet 451
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1406 TATCCATTCAAAATTTTAGCAAACTTCTGAATGACAACATTTTTCATATG 1455

 452 SerLeuLeuAlaCysAlaLeuGluValValMetAlaThrTyrSerArgSe 468
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1456 TCTTTATTGGCGTGCGCTCTTGAGGTTGTAATGGCCACATATAGCAGAAG 1505

 468 rThrSerGlnAsnLeuAspSerGlyThrAspLeuSerPheProTrpIleL 485
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1506 TACATCTCAGAATCTTGATTCTGGAACAGATTTGTCTTTCCCATGGATTC 1555

 485 euAsnValLeuAsnLeuLysAlaPheAspPheTyrLysValIleGluSer 501
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1556 TGAATGTGCTTAATTTAAAAGCCTTTGATTTTTACAAAGTGATCGAAAGT 1605

 502 PheIleLysAlaGluGlyAsnLeuThrArgGluMetIleLysHisLeuGl 518
```

```
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1606 TTTATCAAAGCAGAAGGCAACTTGACAAGAGAAATGATAAAACATTTAGA 1655

 518 uArgCysGluHisArgIleMetGluSerLeuAlaTrpLeuSerAspSerP 535
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1656 ACGATGTGAACATCGAATCATGGAATCCCTTGCATGGCTCTCAGATTCAC 1705

 535 roLeuPheAspLeuIleLysGlnSerLysAspArgGluGlyProThrAsp 551
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1706 CTTTATTTGATCTTATTAAACAATCAAAGGACCGAGAAGGACCAACTGAT 1755

 552 HisLeuGluSerAlaCysProLeuAsnLeuProLeuGlnAsnAsnHisTh 568
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1756 CACCTTGAATCTGCTTGTCCTCTTAATCTTCCTCTCCAGAATAATCACAC 1805

 568 rAlaAlaAspMetTyrLeuSerProValArgSerProLysLysLysGlyS 585
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1806 TGCAGCAGATATGTATCTTTCTCCTGTAAGATCTCCAAAGAAAAAAGGTT 1855

 585 erThrThrArgValAsnSerThrAlaAsnAlaGluThrGlnAlaThrSer 601
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1856 CAACTACGCGTGTAAATTCTACTGCAAATGCAGAGACACAAGCAACCTCA 1905

 602 AlaPheGlnThrGlnLysProLeuLysSerThrSerLeuSerLeuPheTy 618
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1906 GCCTTCCAGACCCAGAAGCCATTGAAATCTACCTCTCTTTCACTGTTTTA 1955

 618 rLysLysValTyrArgLeuAlaTyrLeuArgLeuAsnThrLeuCysGluA 635
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
1956 TAAAAAAGTGTATCGGCTAGCCTATCTCCGGCTAAATACACTTTGTGAAC 2005

 635 rgLeuLeuSerGluHisProGluLeuGluHisIleIleTrpThrLeuPhe 651
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2006 GCCTTCTGTCTGAGCACCCAGAATTAGAACATATCATCTGGACCCTTTTC 2055

 652 GlnHisThrLeuGlnAsnGluTyrGluLeuMetArgAspArgHisLeuAs 668
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2056 CAGCACACCCTGCAGAATGAGTATGAACTCATGAGAGACAGGCATTTGGA 2105

 668 pGlnIleMetMetCysSerMetTyrGlyIleCysLysValLysAsnIleA 685
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2106 CCAAATTATGATGTGTTCCATGTATGGCATATGCAAAGTGAAGAATATAG 2155

 685 spLeuLysPheLysIleIleValThrAlaTyrLysAspLeuProHisAla 701
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2156 ACCTTAAATTCAAAATCATTGTAACAGCATACAAGGATCTTCCTCATGCT 2205

 702 ValGlnGluThrPheLysArgValLeuIleLysGluGluGluTyrAspSe 718
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2206 GTTCAGGAGACATTCAAACGTGTTTTGATCAAAGAAGAGGAGTATGATTC 2255

 718 rIleIleValPheTyrAsnSerValPheMetGlnArgLeuLysThrAsnI 735
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2256 TATTATAGTATTCTATAACTCGGTCTTCATGCAGAGACTGAAAACAAATA 2305

 735 leLeuGlnTyrAlaSerThrArgProProThrLeuSerProIleProHis 751
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2306 TTTTGCAGTATGCTTCCACCAGGCCCCCTACCTTGTCACCAATACCTCAC 2355

 752 IleProArgSerProTyrLysPheProSerSerProLeuArgIleProGl 768
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2356 ATTCCTCGAAGCCCTTACAAGTTTCCTAGTTCACCCTTACGGATTCCTGG 2405

 768 yGlyAsnIleTyrIleSerProLeuLysSerProTyrLysIleSerGluG 785
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2406 AGGGAACATCTATATTTCACCCCTGAAGAGTCCATATAAAATTTCAGAAG 2455

 785 lyLeuProThrProThrLysMetThrProArgSerArgIleLeuValSer 801
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
2456 GTCTGCCAACACCAACAAAAATGACTCCAAGATCAAGAATCTTAGTATCA 2505

 802 IleGlyGluSerPheGlyThrSerGluLysPheGlnLysIleAsnGlnMe 818
     ||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||||
```